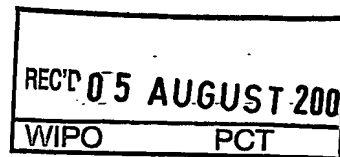


EP0418470

**PRIORITY
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)



**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung
einer Patentanmeldung**

Aktenzeichen:

10 2004 029 639.1

Anmeldetag:

18. Juni 2004

Anmelder/Inhaber:

Degussa AG, 40474 Düsseldorf/DE

Bezeichnung:

Verfahren zur Herstellung von L-Threonin

Priorität:

12. August 2003 DE 103 37 028.5

IPC:

C 12 N 1/00

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 19. Juli 2004
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

Letang

AVAILABLE COPY

Verfahren zur Herstellung von L-Threonin

Gegenstand der Erfindung ist ein verbessertes Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von Bakterien der Familie Enterobacteriaceae.

5 Stand der Technik

L-Threonin findet in der Humanmedizin, in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung Anwendung.

Es ist bekannt, dass L-Threonin durch Fermentation von Stämmen der Familie der Enterobacteriaceae, insbesondere *Escherichia coli*, hergestellt werden kann. Wegen der großen Bedeutung dieser Aminosäure wird ständig an der Verbesserung der Herstellungsverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen, wie z.B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien, wie z.B. die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform, durch z.B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen, d.h. die genetisch bedingten Leistungseigenschaften des Bakteriums selbst betreffen.

US-A-5,538,873 und EP-B-0593792 oder Okamoto et al. (Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry 61 (11), 1877 - 1882, 1997) beschreiben, dass Threonin durch Fermentation im Satzverfahren (batch) oder Zulaufverfahren (fed batch) hergestellt werden kann. Weiterhin ist in US 6,562,601 ein Verfahren zur Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von Stämmen der Familie Enterobacteriaceae beschrieben, bei dem nach Durchführung einer Fermentation im Zulaufverfahren (fed batch) die Fermentationsbrühe auf 1-90 Vol.-% abgelassen wird, anschließend die verbleibende Fermentationsbrühe mit Wachstumsmedium auffüllt und bevorzugt nach einer Wachstumsphase eine weitere

Fermentation nach dem genannten Zulaufverfahren (fed batch) durchführt. Dieses Verfahren kann mehrmals wiederholt werden und heißt daher wiederholtes Zulaufverfahren (repeated fed batch).

- 5 Ein weiteres Verfahren zur Herstellung von Threonin unter Verwendung von Bakterien der Familie Enterobacteriaceae, insbesondere Escherichia coli, ist in der Patentschrift US 6,562,601 beschrieben. Es besteht darin, dass das Bakterium zunächst nach dem Zulaufverfahren kultiviert wird, wobei
- 10 sich Threonin in der Fermentationsbrühe anreichert. Zu einem gewünschten Zeitpunkt wird ein Teil, d.h. 10 bis 99% der im Fermenter enthaltenen Fermentationsbrühe geerntet. Der restliche Teil der Fermentationsbrühe verbleibt im Fermenter. Die im Fermentierbehälter verbleibende
- 15 Fermentationsbrühe wird mit Nährmedium aufgefüllt und eine weitere Fermentation nach dem Zulaufverfahren durchgeführt. Der beschriebene Zyklus wird gegebenenfalls mehrfach durchgeführt.

Aufgabe der Erfindung

- 20 Aufgabe der Erfindung ist es, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von L-Threonin bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

- Gegenstand der Erfindung ist ein Fermentationsverfahren,
- 25 das dadurch gekennzeichnet ist, dass man

- a) das Bakterium in mindestens einem ersten Nährmedium inokuliert und kultiviert, anschließend
- b) einen Teil der Fermentationsbrühe abtrennt, wobei mehr
- 30 als 90 Vol.-%, insbesondere mehr als 91 Vol.-%, mehr als 92 Vol.-%, mehr als 93 Vol.-%, mehr als 94 Vol.-%, mehr als 95 Vol.-%, mehr als 96 Vol.-%, mehr als 97 Vol.-% oder mehr als 98 Vol.-% und wobei maximal 99

Vol.-%, 99,3 Vol.-%, 99,6 Vol.-% oder 99,9 Vol.-% des Gesamtvolumens der Fermentationsbrühe im Fermentationsbehälter verbleiben, anschließend

- 5 c) die verbleibende Fermentationsbrühe mit einem oder mehreren weiteren Nährmedien auffüllt, wobei das weitere Nährmedium oder die weiteren Nährmedien mindestens eine Kohlenstoffquelle, mindestens eine Stickstoffquelle und mindestens eine Phosphorquelle enthalten, und die Kultivierung unter Bedingungen die
- 10 die Bildung von L-Threonin erlauben, fortsetzt,
- d) die Schritte b) und c) gegebenenfalls mehrfach durchführt, und
- e) die Konzentration der Kohlenstoffquelle(n) während der Kultivierung gemäß Schritt c) und/oder d) bei maximal
- 15 30 g/l eingestellt wird.

Die Kultivierung des Bakteriums gemäß Schritt a) erfolgt typischerweise in einem Fermenter (Bioreaktor). Diese haben im Maßstab der industriellen Produktion ein Volumen von ca. 10 - 500 m³ (Kubikmeter). Im Labormaßstab in dem das

20 erfindungsgemäße Verfahren auf einfache Weise geprüft werden kann sind Fermentervolumina von 1 - 50 l typisch. Im halbtechnischen Maßstab sind Fermentervolumina von 50 l bis 10 m³ gebräuchlich.

Unter dem Begriff Anlagenleistung versteht man, dass in

25 einer Anlage (plant) wie z. B. einem Fermenter die Masse bzw. Menge eines Produktes mit einer bestimmten Ausbeute und mit einer bestimmten Geschwindigkeit bzw. Produktivität oder Raum-Zeit-Ausbeute hergestellt wird. Diese Parameter bestimmen weitgehend die Kosten oder die Wirtschaftlichkeit

30 eines Verfahrens.

Unter einer Fermentationsbrühe versteht man die durch die Kultivierung eines Mikroorganismus - im Falle der vorliegenden Erfindung ein L-Threonin produzierendes

Bakterium - in einem Nährmedium unter Verwendung eines Fermenters entstandene Suspension eines Mikroorganismus.

Erfindungsgemäß kann die Anlagenleistung einer L-Threonin produzierenden Fermenters dadurch gesteigert werden, dass
5 man in dem oben beschriebenen ersten Schritt a) nach dem Satzverfahren (batch) oder Zulaufverfahren (fed batch) kultiviert, wobei bei Verwendung des Zulaufverfahrens mindestens ein Zusatz-Nährmedium eingesetzt wird. In dem beschriebenen Schritt b) wird der Kultur Fermentationsbrühe
10 entzogen, wobei weniger als 10 Vol.-%, insbesondere weniger als 9 Vol.-%, weniger als 8 Vol.-%, weniger als 7 Vol.-%, weniger als 6 Vol.-%, weniger als 5 Vol.-%, weniger als 4 Vol.-%, weniger als 3 Vol.-% oder weniger als 2 Vol.-% und wobei als Minimum 1 Vol.-%, 0,7 Vol.-%, 0,4 Vol.-% oder 0,1
15 Vol.-% des Gesamtvolumens der Fermentationsbrühe abgetrennt werden. Dementsprechend verbleiben bei dem erfindungsgemäßen Verfahren gemäß Schritt b) mehr als 90 bis maximal 99,9 Vol.-% der Fermentationsbrühe in dem Fermenter.

20 Anschließend, im Schritt c) wird die verbleibende Fermentationsbrühe mit einem oder mehreren weiteren Nährmedien bis auf ca. 100 % des ursprünglichen Volumens aufgefüllt, wobei das weitere Nährmedium oder die weiteren Nährmedien mindestens eine Kohlenstoffquelle, mindestens
25 eine Stickstoffquelle und mindestens eine Phosphorquelle enthalten, und die Kultivierung unter Bedingungen fortgesetzt, die die Bildung von L-Threonin erlauben. Dieser Schritt c) wird gegebenenfalls mehrfach wiederholt. Das gebildete L-Threonin wird gesammelt und gegebenenfalls
30 gereinigt und isoliert.

Während des Kultivierungsschrittes a) wird das Bakterium in mindestens einem ersten Nährmedium inokuliert und nach dem Satzverfahren (batch) oder Zulaufverfahren (fed batch) kultiviert. Bei Verwendung des Zulaufverfahrens wird nach
35 mehr als 0 bis maximal 10 Stunden, vorzugsweise nach 1 bis

10 Stunden, bevorzugt nach 2 bis 10 Stunden und besonders bevorzugt nach 3 bis 7 Stunden ein Zusatz-Nährmedium zugeführt.

- Das erste Nährmedium enthält als Kohlenstoffquelle eine
- 5 oder mehrere der Verbindungen ausgewählt aus der Gruppe Saccharose, Melasse aus Zuckerrüben oder Zuckerrohr, Fruktose, Glukose, Stärkehydrolysat, Laktose, Galaktose, Maltose, Xylose, Cellulosehydrolysat, Arabinose, Essigsäure, Ethanol und Methanol in den Konzentrationen von
- 10 1 bis 100 g/kg oder 1 bis 50 g/kg, bevorzugt von 10 bis 45 g/kg, besonders bevorzugt von 20 bis 40 g/kg. Unter Stärkehydrolysat versteht man erfindungsgemäß das Hydrolysat von Stärke aus Mais, Getreide, Kartoffeln oder Tapioka.
- 15 Als Stickstoffquelle im erste Nährmedium können organische, Stickstoff-haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniak, Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid,
- 20 Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat Kaliumnitrat, Kaliumnatriumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung in den Konzentrationen von 1 bis 40 g/kg, bevorzugt von 1 bis 30 g/kg oder 10 bis 30 g/kg, besonders bevorzugt von 1 bis 25 g/kg oder 10 bis 25 g/kg, ganz besonders bevorzugt 1 bis 30 g/kg oder 1 bis 25 verwendet werden.

- Als Phosphorquelle im ersten Nährmedium können Phosphorsäure, Alkali- oder Erdalkalisalze der Phosphorsäure, insbesondere Kaliumdihydrogenphosphat oder
- 30 Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze, Polymere der Phosphorsäure oder das Hexaphosphorsäureester des Inosits, auch Phytinsäure genannt, oder deren Alkali- oder Erdalkalisalze in den Konzentrationen von 0,1 bis 5 g/kg, bevorzugt von 0,3 bis 3
- 35 g/kg, besonders bevorzugt von 0,5 bis 1,5 g/kg verwendet

werden. Das erste Nährmedium muss weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Diese Substanzen liegen in den Konzentrationen von 0,003 bis 3 g/kg vor. Schließlich werden essentielle Wachstumsstoffe wie Aminosäuren (z.B. Homoserin) und Vitamine (z.B. Thiamin) zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden.

- 10 Das Zusatz-Nährmedium, welches in einem Zulaufverfahren (fed batch) angewandt wird, enthält im allgemeinen lediglich als Kohlenstoffquelle eine oder mehrere der Verbindungen ausgewählt aus der Gruppe Saccharose, Melasse aus Zuckerrüben oder Zuckerrohr, Fruktose, Glukose, 15 Stärkehydrolysat, Laktose, Galaktose, Maltose, Xylose, Cellulosehydrolysat, Arabinose, Essigsäure, Ethanol und Methanol in den Konzentrationen von 300 bis 700 g/kg, bevorzugt von 400 bis 650 g/kg, und gegebenenfalls eine anorganische Stickstoffquelle wie z.B. Ammoniak, 20 Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat, Ammoniumnitrat, Kaliumnitrat oder Kaliumnatriumnitrat. Alternativ können diese und andere Komponenten auch separat zugefüttert werden.

- Es wurde gefunden, dass bei dem erfindungsgemäßen Verfahren 25 gemäß Schritt c) und/oder d) die Bestandteile des weiteren Nährmediums in Form eines einzigen weiteren Nährmediums sowie in einer Vielzahl von weiteren Nährmedien der Kultur zugeführt werden können. Erfindungsgemäß wird das weitere Nährmedium beziehungsweise werden die weiteren Nährmedien 30 in mindestens einem (1) Zufütterungsstrom oder in einer Vielzahl an Zufütterungsströmen mindestens 2 bis 10, vorzugsweise 2 bis 7 oder 2 bis 5 Zufütterungsströmen der Kultur zugeführt.

- Das weitere Nährmedium bzw. die weiteren Nährmedien 35 enthält/enthalten als Kohlenstoffquelle eine oder mehrere

der Verbindungen ausgewählt aus der Gruppe Saccharose, Melasse aus Zuckerrüben oder Zuckerrohr, Fruktose, Glukose, Stärkehydrolysat, Maltose, Xylose, Cellulosehydrolysat, Arabinose, Essigsäure, Ethanol und Methanol in den

5 Konzentrationen von 20 bis 700 g/kg, bevorzugt von 50 bis 650 g/kg.

Weiterhin enthält das weitere Nährmedium bzw. enthalten die weiteren Nährmedien eine Stickstoffquelle bestehend aus organischen, Stickstoff-haltigen Verbindungen wie Peptone,

10 Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniak, Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat, Ammoniumnitrat und/oder Kaliumnitrat oder Kaliumnatriumnitrat. Die

15 Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung in den Konzentrationen von 5 bis 50 g/kg, bevorzugt von 10 bis 40 g/kg, verwendet werden.

Weiterhin enthält das weitere Nährmedium bzw. enthalten die weiteren Nährmedien eine Phosphorquelle bestehend aus

20 Phosphorsäure oder den Alkali- oder Erdalkalisalzen der Phosphorsäure, insbesondere Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze, Polymere der Phosphorsäure oder das Hexaphosphorsäureester des Inosits, auch Phytinsäure

25 genannt, bzw. die entsprechenden Alkali- oder Erdalkalisalze. Die Phosphorquellen können einzeln oder als Mischung in den Konzentrationen von 0,3 bis 3 g/kg, bevorzugt von 0,5 bis 2 g/kg verwendet werden. Das weitere Nährmedium bzw. die weiteren Nährmedien muss/müssen

30 weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind, in den Konzentrationen von 0,003 bis 3 g/kg, bevorzugt in den Konzentrationen von 0,008 bis 2 g/kg. Schließlich werden essentielle Wuchsstoffe wie

35 Aminosäuren (z.B. Homoserin) und Vitamine (z.B. Thiamin)

zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden.

Bei Verwendung eines einzigen weiteren Nährmediums wird
5 dieses typischerweise in einem Zufütterungsstrom der Kultur
zugeführt. Bei Verwendung einer Vielzahl weiterer
Nährmedien werden diese in einer entsprechenden Vielzahl an
Zufütterungsströmen zugeführt. Bei der Verwendung einer
Vielzahl weiterer Nährmedien ist zu beachten, dass diese
10 jeweils nur eine der beschriebenen Kohlenstoff-,
Stickstoff-, oder Phosphorquellen enthalten können, aber
auch eine Mischung von den beschriebenen Kohlenstoff-,
Stickstoff-, oder Phosphorquellen.

Erfindungsgemäß wird das zugeführte weitere Nährmedium oder
15 die zugeführten weiteren Nährmedien so eingestellt, das ein
Phosphor zu Kohlenstoffverhältnis (P/C Verhältnis) von
maximal 4; von maximal 3; von maximal 2; von maximal 1,5;
von maximal 1; von maximal 0,7; von maximal 0,5; maximal
0,48; maximal 0,46; maximal 0,44; maximal 0,42; maximal
20 0,40; maximal 0,38; maximal 0,36; maximal 0,34; maximal
0,32; maximal 0,30 mmol Phosphor / mol Kohlenstoff besteht.

Das in Schritt b) beschriebene Abtrennen der
Fermentationsbrühe geschieht in weniger als 180 Minuten,
vorzugsweise in weniger als 120 Minuten, besonders
25 bevorzugt in weniger als 60 Minuten und ganz besonders
bevorzugt in weniger als 30 bis weniger als 15 Minuten.

Wird ein weiteres oder mehrere weitere Nährmedien wie unter
Schritt c) beschrieben zum Auffüllen genutzt, kann dieses
Auffüllen in Form eines oder mehrerer Sätze (batch) bzw.
30 Chargen oder kontinuierlich oder einer Kombination aus
beiden Verfahrensweisen erfolgen. Hierbei wird wieder ein
Füllstand von ca. 100% des ursprünglichen Volumens
erreicht. Der Begriff „ca. 100%“ bedeutet in diesem
Zusammenhang, dass es im Rahmen der technischen

Möglichkeiten zu Schwankungen kommen kann, die beispielsweise dazuführen, dass auf 97% - 103%, 98% - 102%, 99% - 101%, 99,5% - 100,5% oder 99,9% - 100,1% des ursprünglichen Volumens aufgefüllt wird.

- 5 Erfolgt das Auffüllen in Form eines oder mehrerer Sätze, geschieht dies erfindungsgemäß schnellstmöglich d.h. in weniger als 180 Minuten, vorzugsweise in weniger als 120 Minuten, besonders bevorzugt in weniger als 60 Minuten, besonders bevorzugt in weniger als 30 Minuten bis weniger
- 10 als 15 Minuten. Nach dem oben beschriebenen Auffüllen auf ca. 100% des ursprünglichen Volumens erfolgt die Kultivierung bis zum Verbrauch der Kohlenstoffquelle oder bis zu einem anderen geeigneten Zeitpunkt kurz vor dem vollständigen Verbrauch der Kohlenstoffquelle, bevor
- 15 wiederum Fermentationsbrühe gemäß Schritt b) abgelassen wird. Zu diesem geeigneten Zeitpunkt beträgt die Konzentration der Kohlenstoffquelle > 0 bis ≤ 5 g/l, > 0 bis ≤ 3 g/l, > 0 bis ≤ 2 g/l, > 0 bis ≤ 2 g/l, > 0 bis ≤ 1 g/l, > 0 bis $\leq 0,5$ g/l.
- 20 Beim kontinuierlichen Auffüllen erfolgt das Auffüllen mit einem oder mehreren weiteren Nährmedien unter fortwährender Kultivierung der Fermentationsbrühe bis der Füllstand von annähernd 100% wieder erreicht ist. Die Fermentationsbrühe wird so lange weiterkultiviert bis die Kohlenstoffquelle
- 25 verbraucht oder nahezu (siehe oben) verbraucht ist.

- Bei der Kombination aus beiden Verfahrensweisen werden ein oder mehrere weitere Nährmedien in Form eines oder mehrerer Sätze schnellstmöglich zugegeben und anschließend ein oder mehrere weitere Nährmedien kontinuierlich unter
- 30 fortwährender Kultivierung zugeführt werden. Die Fermentationsbrühe wird so lange weiterkultiviert bis die Kohlenstoffquelle verbraucht oder nahezu (siehe oben) verbraucht ist.

- Die Kultivierung in den Schritten a) und c) erfolgt unter Bedingungen die die Bildung von L-Threonin erlauben: Während der Kultivierung wird die Temperatur in einem Bereich von 27 bis 45°C, vorzugsweise 29 bis 42°C, besonders bevorzugt 33 bis 40°C, eingestellt. Die Fermentation kann bei Normaldruck oder gegebenenfalls bei Überdruck, vorzugsweise bei 0 bis 2,5 bar Überdruck, besonders bevorzugt bei 0 bis 1,5 bar durchgeführt werden. Der Sauerstoffpartialdruck wird auf 5 bis 50%, vorzugsweise ca. 20%, Luftsättigung geregelt. Die Regelung des pH-Wertes auf pH ca. 6 bis 8, vorzugsweise 6,5 bis 7,5 kann mit 25%igem Ammoniakwasser erfolgen. Die Bedingungen der Kultivierung können während der Kultivierung konstant bleiben oder verändert werden. Ebenso können die Kultivierungsbedingungen in Schritt a) und c) identisch sein oder sich unterscheiden.

- Die Wiederholung der Schritte b) und c) gemäß d) erfolgt > (größer) 0 bis 100 mal, bevorzugt 2 bis 90 oder 2 bis 80 mal, besonders bevorzugt 4 bis 70, 4 bis 60, 4 bis 50 oder 4 bis 40 mal und besonders bevorzugt 5 bis 30, 6 bis 30, 7 bis 30, 8 bis 30, 9 bis 30 oder 10 bis 30 mal.

- Die Zeit zwischen Abtrennen von mindestens 0,1 Vol.-% bis weniger als 10 Vol.-% des Gesamtvolumens der Fermentationsbrühe, dem vollständigen Auffüllen auf ca. 100%, der sich anschließenden Kultivierung und dem erneuten Abtrennen von Fermentationsbrühe beträgt maximal 10 Stunden oder maximal 5 Stunden, bevorzugt maximal 3 Stunden, besonders bevorzugt maximal 2 Stunden bis maximal 1 Stunde.

- Dementsprechend erfolgt das Abtrennen der Fermentationsbrühe, das Wiederauffüllen mit Nährmedium, die sich anschließende Kultivierung und das erneute Abtrennen der Fermentationsbrühe mit einer Geschwindigkeit, die einer mittleren Verweilzeit von kleiner als 100 Stunden oder kleiner als 50 Stunden, bevorzugt kleiner als 30, ganz besonders bevorzugt kleiner als 20 oder kleiner als 10

Stunden entspricht. Dabei ist die mittlere Verweilzeit (residence time) die theoretische Zeit, die Teilchen in einer Kultur verbleiben. Die mittlere Verweilzeit wird beschrieben durch das Verhältnis des Flüssigkeitsvolumens des Reaktors und der Durchflussmenge (Biotechnologie; H. Weide, J. Páca und W. A. Knorre; Gustav Fischer Verlag Jena; 1991). Die Durchflussmenge ist definiert durch das Volumen der abgelassenen Fermentationsbrühe bzw. das Volumen des zum Auffüllen verwendeten Nährmediums oder der weiteren Nährmedien. Die Füllstandmessung kann direkt z.B. über Radarmessung oder indirekt z.B. über eine Massebestimmung erfolgen.

Erfindungsgemäß wird die Konzentration der Kohlenstoffquelle während der Kultivierung gemäß Schritt c) und/oder d) im Allgemeinen bei maximal 30 g/l, bei maximal 20 g/l, bei maximal 10 g/l, bevorzugt bei maximal 5 g/l, besonders bevorzugt maximal 2 g/l eingestellt. Diese Konzentration wird mindestens während 75%, bevorzugt mindestens während 85%, besonders bevorzugt während mindestens 95% der Zeit der Kultivierung gemäß Schritt b) und/ oder c) aufrechterhalten. Dabei wird die Konzentration der Kohlenstoffquelle anhand von Methoden bestimmt, die Stand der Technik sind. β -D-Glukose wird z.B. in einem Glukoseanalysator YSI 02700 Select der Firma Yellow Springs Instruments (Yellow Springs, Ohio, USA) bestimmt.

Gegebenenfalls kann die entnommene Kulturbrühe, gegebenenfalls unter Rührung, mit Sauerstoff oder einem sauerstoffhaltigen Gas versehen werden bis die Konzentration der Kohlenstoffquelle unter 2 g/l; unter 1 g/l; oder unter 0,5 g/l sinkt.

In einem erfindungsgemäßen Verfahren beträgt die Ausbeute mindestens 31%; mindestens 33%; mindestens 35%; mindestens 37%; mindestens 40%; mindestens 42%; mindestens 44%; mindestens 46%, mindestens 48%. Dabei ist die Ausbeute definiert als das Verhältnis von der in einer Kultivierung

gesamt gebildeten Menge an L-Threonin zu der Gesamtmenge der eingesetzten oder verbrauchten Kohlenstoffquelle.

- In einem erfindungsgemäßen Verfahren wird L-Threonin mit einer Raum-Zeit-Ausbeute von mindestens 1,5 bis 2,5 g/l pro
- 5 Std., von mindestens 2,5 bis 3,5 g/l pro Std., von mindestens 2,5 bis mehr als 3,5 g/l pro Std., von mindestens 3,5 bis 5,0 g/l pro Std., von mindestens 3,5 bis mehr als 5,0 g/l pro Std., oder von mindestens 5,0 bis 8,0 g/l oder mehr pro Std. gebildet. Dabei ist die Raum-Zeit-
- 10 Ausbeute definiert als das Verhältnis von der in einer Kultivierung gesamt gebildeten Threoninmenge zu dem Volumen der Kultur über den gesamten Zeitraum der Kultivierung gesehen. Die Raum-Zeit-Ausbeute wird auch volumetrische Produktivität genannt.
- 15 Naturgemäß wird bei einem Fermentationsverfahren wie dem erfindungsgemäßen das Produkt mit einer bestimmten Ausbeute und mit einer bestimmten Raum-Zeit-Ausbeute (volumetrische Produktivität) hergestellt. In einem erfindungsgemäßen Verfahren kann L-Threonin mit einer Ausbeute von mindestens
- 20 31 % und einer Raum-Zeit-Ausbeute von mindestens 1,5 bis 2,0 g/l pro Std. hergestellt werden. Weitere Kopplungen von Ausbeute mit Raum-Zeit-Ausbeute wie beispielsweise eine Ausbeute von mindestens 37 % und eine Raum-Zeit-Ausbeute von mindestens 2,5 g/l pro. Std. ergeben sich zwanglos aus
- 25 den obigen Ausführungen.

Aus der entnommenen Kulturbrühe kann das L-Threonin gewonnen, gesammelt oder konzentriert und gegebenenfalls gereinigt werden.

- Es ist ebenfalls möglich aus der entnommenen Kulturbrühe
- 30 (=Fermentationsbrühe) ein Produkt herzustellen, indem man die in der Kulturbrühe enthaltene Biomasse des Bakteriums vollständig (100%) oder nahezu vollständig d.h. mehr als oder größer als (>) 90%, >95%, >97%, >99% entfernt und die übrigen Bestandteile der Fermentationsbrühe weitgehend d.h.

zu 30% - 100%, 40% - 100%, 50% - 100%, 60% - 100%, 70% - 100%, 80% - 100%, oder 90% - 100%, bevorzugt größer gleich (\geq) 50%, $\geq 60\%$, $\geq 70\%$, $\geq 80\%$, $\geq 90\%$ oder $\geq 95\%$ oder auch vollständig (100%) im Produkt belässt.

- 5 Zur Entfernung oder Abtrennung der Biomasse werden Separationsmethoden wie beispielsweise Zentrifugation, Filtration, Dekantieren, Flockung oder eine Kombination hieraus eingesetzt.

- Die erhaltene Brühe wird anschließend mit bekannten
10 Methoden wie beispielsweise mit Hilfe eines Rotationsverdampfers, Dünnschichtverdampfers, Fallfilmverdampfers, durch Umkehrosmose, durch Nanofiltration oder einer Kombination hieraus eingedickt beziehungsweise konzentriert.

- 15 Diese aufkonzentrierte Brühe wird anschließend durch Methoden der Gefriertrocknung, der Sprühtrocknung, der Sprühgranulation oder durch anderweitige Verfahren zu einem vorzugsweise rieselfähigen, feinteiligen Pulver aufgearbeitet. Dieses rieselfähige, feinteilige Pulver kann
20 dann wiederum durch geeignete Kompaktier- oder Granulier-Verfahren in ein grobkörniges, gut rieselfähiges, lagerbares und weitgehend staubfreies Produkt überführt werden. Das Wasser wird hierbei insgesamt zu mehr als 90% entfernt, sodass der Wassergehalt im Produkt kleiner als
25 10%, kleiner als 5% beträgt.

Die angegebenen Verfahrensschritte müssen nicht notwendigerweise in der hier aufgeführten Reihenfolge durchgeführt sondern können gegebenenfalls in technisch sinnvoller Weise kombiniert werden.

- 30 Das erfindungsgemäße Verfahren zeichnet sich gegenüber dem üblichen fed batch-Verfahren, vor allem durch eine erhöhte Raum-Zeit-Ausbeute aus.

Die Analyse von L-Threonin und anderen Aminosäuren kann durch Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin Derivatisierung erfolgen, so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry 30: 1190-1206 (1958))

- 5 beschrieben, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry 51: 1167-1174 (1979)) beschrieben.

Zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens sind L-Threonin produzierende Bakterien der Familie

- 10 Enterobacteriaceae, ausgewählt aus den Gattungen Escherichia, Erwinia, Providencia und Serratia geeignet. Die Gattungen Escherichia und Serratia werden bevorzugt. Bei der Gattung Escherichia ist insbesondere die Art Escherichia coli und bei der Gattung Serratia insbesondere
15 die Art Serratia marcescens zu nennen.

Die Bakterien enthalten mindestens eine Kopie eines thrA-Gens oder Allels, das für eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I kodiert. In der Literatur wird in diesem Zusammenhang auch von „feed back“

- 20 resistenten oder auch von desensibilisierten Varianten gesprochen. Derartige Bakterien sind typischerweise resistent gegen das Threoninanalogon α -Amino- β -Hydroxyvaleriansäure (AHV) (Shiio und Nakamori, Agricultural and Biological Chemistry 33 (8), 1152-1160
25 (1969)). Biochemische Untersuchungen zu „feed back“ resistenten Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I Varianten sind beispielsweise bei Cohen et al. (Biochemical and Biophysical Research Communications 19(4), 546-550 (1965)) und bei Omori et al. (Journal of Bacteriology
30 175(3), 785-794 (1993)) beschrieben. Gegebenenfalls wird die Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I überexprimiert.

Methoden der Überexpression sind im Stand der Technik hinlänglich - beispielsweise bei Makrides et al.

- 35 (Microbiological Reviews 60 (3), 512-538 (1996)) -

beschrieben. Durch Verwendung von Vektoren wird die Kopienzahl um mindestens eine (1) Kopie erhöht. Als Vektoren können Plasmide wie beispielsweise in der US 5,538,873 beschrieben verwendet werden. Als Vektoren können ebenfalls Phagen, beispielsweise der Phage Mu, wie in der EP 0 332 448 beschrieben, oder der Phage lambda (λ) verwendet werden. Eine Erhöhung der Kopienzahl kann auch dadurch erzielt werden, dass eine weitere Kopie in eine weitere Stelle des Chromosoms - beispielsweise in die att-site des Phagen λ (Yu und Court, Gene 223, 77-81 (1998)) - eingebaut wird. In der US 5,939,307 wird beschrieben, dass durch Einbau von Expressionskassetten oder Promotoren wie beispielsweise tac-Promotor, trp-Promotor, lpp-Promotor oder P_L -Promotor und P_R -Promotor des Phagen λ stromaufwärts des chromosomalen Threoninoperons eine Erhöhung der Expression erzielt werden konnte. In gleicher Weise können die Promotoren des Phagen T7, die gear-box-Promotoren oder der nar-Promotor verwendet werden. Derartige Expressionskassetten oder Promotoren können auch verwendet werden um, wie in der EP 0 593 792 beschrieben, plasmidgebundene Gene zu überexprimieren. Durch Verwendung des $lacI^Q$ -Allels lässt sich wiederum die Expression plasmidgebundener Gene kontrollieren (Glascock und Weickert, Gene 223, 221-231 (1998)). Durch Entfernung des Attenuators des Threonin-Operons (Park et al., Biotechnology Letters 24, 1815-1819 (2002)) oder durch Verwendung der thr79-20 Mutation (Gardner, Proceedings of the National Academy of Sciences, USA 76(4), 1706-1710 (1979)) oder durch Mutation des für die Threonyl-t-RNA-Synthetase kodierenden thrS-Gens wie bei Johnson et al. (Journal of Bacteriology 129(1), 66-70 (1977)) beschrieben kann ebenfalls eine Überexpression erzielt werden. Durch die beschriebenen Maßnahmen wird die intrazelluläre Konzentration der jeweiligen Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I Proteinvariante um mindestens 10% im Vergleich zum Ausgangsstamm erhöht.

- Ein geeignetes thrA-Allel ist in der US 4,278,765 beschrieben und in Form des Stammes MG442 bei der Russischen Nationalsammlung für industrielle Mikroorganismen (VKPM, Moskau, Russland) unter der
- 5 Zugangsnummer CMIM B-1628 erhältlich. Andere geeignete thrA-Allele sind in der WO 00/09660 und WO 00/09661 beschrieben und bei dem Korean Culture Centre of Microorganisms (KCCM, Seoul, Korea) unter den
- 10 Zugangsnummern KCCM 10132 und KCCM 10133 erhältlich. Ein weiteres geeignetes thrA-Allel ist in dem Stamm H-4581 vorhanden, der in der US 4,996,147 beschrieben und unter der Zugangsnummer Ferm BP-1411 beim National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (1-1-1 Higashi, Tsukuba Ibaraki, Japan) erhältlich ist. Schließlich sind
- 15 weitere thrA-Allele in der US 3,580,810 beschrieben, welche in Form der bei der ATCC hinterlegten Stämme ATCC 21277 und ATCC 21278 erhältlich sind. Ein weiteres Allel ist in der US 3,622,453 beschrieben und in Form des Stammes KY8284 unter der Zugangsnummer ATCC 21272 bei der ATCC erhältlich.
- 20 Darüber hinaus ist in der WO 02/064808 ein weiteres thrA-Allel beschrieben und in Form von Stamm pGmTN-PPC12 unter der Zugangsnummer KCCM 10236 bei der KCCM hinterlegt.
- Gegebenenfalls können thrA-Allele, die für „feed back“ resistente Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I
- 25 Varianten kodieren, mit den hinlänglich bekannten Methoden der konventionellen Mutagenese von Zellen unter Verwendung von mutagenen Stoffen beispielsweise N-methyl-N'-nitro-N-nitroso-guanidin (MNNG) oder Ethylmethansulfonat (EMS) oder mutagenen Strahlen beispielsweise UV-Strahlen und
- 30 anschließender Selektion von Threoninanaloga (beispielsweise AHV) resistenten Varianten isoliert werden. Derartige Mutagenesemethoden sind beispielsweise bei Shioo und Nakamori (Agricultural and Biological Chemistry 33 (8), 1152-1160 (1969)) oder bei Saint-Girons und Margerita
- 35 (Molecular and General Genetics 162, 101-107 (1978)) oder in dem bekannten Handbuch von J. H. Miller (A Short Course

In Bacterial Genetics. A Laboratory Manual and Handbook for Escherichia coli and Related Bacteria, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, USA, 1992) insbesondere auf den Seiten 135 bis 156 beschrieben. Shio und Nakamori

5 behandeln beispielsweise eine Zellsuspension von Escherichia coli für ca. 15 Minuten mit 0,5 mg/ml MNNG in einem 0,1 M Natriumphosphatpuffer von pH 7 bei Raumtemperatur (d. h. im Allgemeinen ca. 16 bis 26°C) zur Erzeugung von Mutationen. Miller empfiehlt beispielsweise

10 eine Behandlung für 5 bis 60 Minuten mit 30 µl EMS pro 2 ml Zellsuspension in 0,1 M TRIS-Puffer bei pH 7,5 bei einer Temperatur von 37°C. Diese Mutagenesebedingungen können in naheliegender Weise abgeändert werden. Die Selektion von AHV-resistenten Mutanten erfolgt auf Minimalagar, der

15 typischerweise 2 bis 10 mM AHV enthält. Die entsprechenden Allele können anschließend kloniert und einer Sequenzbestimmung und die von diesen Allelen kodierten Proteinvarianten einer Aktivitätsbestimmung unterzogen werden. Gegebenenfalls können die erzeugten Mutanten auch

20 direkt verwendet werden. Das Wort „direkt“ bedeutet, dass die erzeugte Mutante für die Herstellung von L-Threonin in einem erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzt werden kann oder dass an dieser Mutante weitere Veränderungen zur Erhöhung der Leistungseigenschaften, wie beispielsweise

25 Abschwächung des Threoninabbaus oder Überexpression des Threoninoperons durchgeführt werden können.

In gleicher Weise können auch Methoden der in-vitro Mutagenese verwendet werden wie sie beispielsweise in dem bekannten Handbuch von Sambrook et al. (Molecular Cloning,

30 A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, USA, 1989) beschrieben sind. Entsprechende Methoden sind auch kommerziell in Form sogenannter „kits“ wie beispielsweise der von Papworth et al. (Strategies 9(3), 3-4 (1996)) beschriebene „QuikChange

35 Site-Directed Mutagenesis Kit“ der Firma Stratagene (La Jolla, USA) verfügbar.

Diese Mutagenesemethoden können naturgemäß auch auf andere Gene, Allele oder Stämme beziehungsweise Fragestellungen und Aufgaben, wie beispielsweise der Erzeugung und Isolierung von Mutanten, die gegenüber L-Threonin resistent
5 sind, angewendet werden.

- Bevorzugt werden solche thrA-Allele, die für Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I Varianten kodieren, die in Gegenwart von 10 mM L-Threonin mindestens 40%, mindestens 45%, mindestens 50%, mindestens 55% oder mindestens 60%,
10 der Homoserin-Dehydrogenase Aktivität und/oder die in Gegenwart von 1 mM L-Threonin mindestens 60%, mindestens 70%, mindestens 75% oder mindestens 80%, der Homoserin-Dehydrogenase Aktivität im Vergleich zur Aktivität in Abwesenheit von L-Threonin aufweisen. Gegebenenfalls
15 beträgt die Aspartatkinase-Aktivität der genannten Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I Varianten in Gegenwart von 10 mM L-Threonin mindestens 60%, mindestens 65%, mindestens 70%, mindestens 75% bis oder mindestens 80% der Aktivität in Abwesenheit von L-Threonin.
- 20 Darüber hinaus sind Bakterien der Familie Enterobacteriaceae geeignet, die ein Stopkodon ausgewählt aus der Gruppe opal, ochre und amber, bevorzugt amber im rpoS-Gen und einen t-RNA-Suppressor ausgewählt aus der Gruppe opal-Suppressor, ochre-Suppressor und amber-
25 Suppressor, bevorzugt amber-Suppressor enthalten. Die amber-Mutation liegt vorzugsweise an der Position 33 entsprechend der Aminosäuresequenz des RpoS-Genproduktes. Als amber-Suppressor wird vorzugsweise supE eingesetzt. Diese Bakterien sind in PCT/EP02/02055 beschrieben. Ein
30 Stamm, der die beschriebene Mutation im rpoS-Gen und den Suppressor supE enthält, ist unter der Zugangsnummer DSM 15189 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (Braunschweig, Deutschland) erhältlich.

Die Nukleotidsequenz des rpoS-Gens kann dem Stand der
35 Technik entnommen werden. Die Nukleotidsequenz des rpoS-

Gens entsprechend der Accession No. AE000358 ist als SEQ ID NO. 1 dargestellt. Die Aminosäuresequenz des dazugehörigen RpoS-Genproduktes bzw. Proteins ist in der SEQ ID NO. 2 dargestellt. Die Nukleotidsequenz eines rpoS-Allels, das
5 ein Stopkodon vom Typ amber an der Stelle der Nukleotidsequenz entsprechend Position 33 der Aminosäuresequenz des RpoS-Genproduktes bzw. Proteins, entsprechend SEQ ID NO. 1 bzw. SEQ ID NO. 2, enthält, ist in SEQ ID NO. 3 wiedergegeben. Der Suppressor supE ist im
10 Stand der Technik beschrieben und als SEQ ID NO. 4 dargestellt.

Darüber hinaus sind Bakterien der Familie Enterobacteriaceae geeignet, die nicht in der Lage sind unter aeroben Kulturbedingungen Threonin abzubauen bzw. als
15 Stickstoffquelle zu verwerten. Unter aeroben Kulturbedingungen versteht man solche, bei denen der Sauerstoffpartialdruck in der Fermentationskultur während 90%, bevorzugt 95%, ganz besonders bevorzugt 99% der Fermentationsdauer größer (>) 0% beträgt. Ein derartiger
20 Stamm ist beispielsweise der von Okamoto (Bioscience, Biotechnology and Biochemistry 61(11), 1877-1882 (1997)) beschriebene Stamm KY10935. Stämme, die nicht in der Lage sind Threonin unter Stickstoffabspaltung abzubauen, besitzen im Allgemeinen eine abgeschwächte vom tdh-Gen
25 kodierte Threonin-Dehydrogenase (EC 1.1.1.103). Das Enzym wurde von Aronson et al. (The Journal of Biological Chemistry 264(9), 5226-5232 (1989)) beschrieben. Abgeschwächte tdh-Gene sind beispielsweise bei Ravnikar und Somerville (Journal of Bacteriology, 1986, 168(1), 434-
30 436), in der US 5,705,371, in der WO 02/26993 und bei Komatsubara (Bioprocess Technology 19, 467-484 (1994)) beschrieben.

Ein geeignetes tdh-Allel ist in der US 5,538,873 beschrieben und in Form des Stammes B-3996 unter der
35 Zugangsnummer 1876 bei der Russischen Nationalsammlung für

industrielle Mikroorganismen (VKPM, Moskau, Russland) erhältlich. Ein weiteres tdh-Allel ist in der US 5,939,307 beschrieben und in Form des Stammes kat-13 unter der Zugangsnummer NRRL B-21593 bei der Agriculture Research Service Patent Culture Collection (Peoria, Illinois, USA) erhältlich. Schließlich ist ein tdh-Allel in der WO 02/26993 beschrieben und in Form des Stammes TH21.97 unter der Zugangsnummer NRRL B-30318 bei der NRRL hinterlegt. Das für eine defekte Threonin Dehydrogenase kodierende Allel tdh-1::cat1212 ist beim E. coli Genetic Stock Center (New Haven, Conn., USA) unter der Zugangsnummer CGSC 6945 erhältlich.

Darüber hinaus sind Bakterien der Familie Enterobacteriaceae geeignet, die eine mindestens partielle Isoleucin-Bedürftigkeit („leaky“-Phänotyp) besitzen, welche durch Gabe von L-Isoleucin in einer Konzentration von mindestens 10, 20 oder 50 mg/l oder L-Threonin in einer Konzentration von mindestens 50, 100 oder 500 mg/l kompensierbar ist.

Unter Bedürftigkeit bzw. Auxotrophie versteht man im Allgemeinen die Tatsache, dass ein Stamm infolge einer Mutation eine Wildtypfunktion beispielsweise eine Enzymaktivität vollständig verloren hat und zum Wachstum die Zugabe eines Supplementes beispielsweise eine Aminosäure benötigt. Von partieller Bedürftigkeit oder partieller Auxotrophie spricht man dann, wenn infolge einer Mutation eine Wildtypfunktion beispielsweise die Aktivität eines Enzyms aus dem Biosyntheseweg einer Aminosäure beeinträchtigt beziehungsweise abgeschwächt aber nicht vollständig ausgeschaltet ist. Stämme mit partieller Bedürftigkeit besitzen in Abwesenheit des Supplementes typischerweise eine im Vergleich zum Wildtyp reduzierte, d.h. größer (>) 0% und kleiner (<) 90%, 50%, 25% oder 10% Wachstumsgeschwindigkeit. In der Literatur wird dieser Zusammenhang auch als „leaky“-Phänotyp oder „leakyness“

bezeichnet (Griffiths et al.: An Introduction to Genetic Analysis. 6th edition, 1996, Freeman and Company, New York, USA).

Ein Stamm mit einer derartigen partiellen Isoleucin-
5 Bedürftigkeit ist beispielsweise in der WO 01/14525
beschrieben und in Form des Stammes DSM9906 unter der
Zugangsnummer KCCM 10168 bei der KCCM hinterlegt. Threonin
ausscheidende bzw. produzierende Stämme mit einer
Isoleucin-Bedürftigkeit besitzen im Allgemeinen eine
10 abgeschwächte vom ilvA-Gen kodierte Threonin-Deaminase
(E.C. Nummer 4.3.1.19). Die Threonin-Deaminase ist auch
unter dem Namen Threonin-Dehydratase bekannt. Ein
abgeschwächtes ilvA-Gen, das eine partielle Isoleucin-
Auxotrophie bewirkt, ist beispielsweise in der US 4,278,765
15 beschrieben und in Form des Stammes MG442, hinterlegt unter
der Zugangsnummer B-1682, bei der VKPM erhältlich.

Ein weiteres abgeschwächtes ilvA-Gen ist beispielsweise in
der WO 00/09660 beschrieben und in Form des Stammes DSM
9807, hinterlegt unter der Zugangsnummer KCCM-10132, bei
20 der KCCM erhältlich. Weitere abgeschwächte ilvA-Gene sind
bei Komatsubara (Bioprocess Technology 19, 467-484 (1994))
beschrieben.

Die Aminosäuresequenz einer geeigneten und neuen Threonin-
Deaminase besteht beispielsweise in der Sequenz von SEQ ID
25 NO. 6 wobei an Position 286 jede Aminosäure außer
Glutaminsäure enthalten sein kann. Bevorzugt wird der
Austausch Glutaminsäure gegen Lysin (E286K).

Mit dem Begriff „Aminosäure“ sind insbesondere die
proteinogenen L-Aminosäuren einschließlich ihrer Salze,
30 ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin,
L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-
Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-
Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, L-Tryptophan, L-Prolin
und L-Arginin gemeint.

In SEQ ID NO. 8 ist die Aminosäuresequenz einer Threonin-Deaminase angegeben, die an Position 286 die Aminosäure Lysin enthält; die dazugehörige Nukleotidsequenz ist als SEQ ID NO. 7 dargestellt. Diese enthält an Position 856 die
5 Nukleobase Adenin.

- Eine andere geeignete Threonin-Deaminase ist die von Lee et al. (Journal of Bacteriology 185 (18), 5442-5451 (2003)) beschriebene Variante, bei der an Position 97 Serin gegen Phenylalanin (S97F) ausgetauscht ist. Weitere geeignete
10 Threonin-Deaminasen sind die von Fischer und Eisenstein (Journal of Bacteriology 175 (20), 6605-6613 (1993)) beschriebenen Varianten, welche mindestens einen der Aminosäureaustausche ausgewählt aus der Gruppe: Austausch
15 von Asparagin an Position 46 gegen Asparaginsäure (N46D), Austausch von Alanin an Position 66 gegen Valin (A66V), Austausch von Prolin an Position 156 gegen Serin (P156S), Austausch von Glycin an Position 248 gegen Cystein (G248C) und Austausch von Asparaginsäure an Position 266 gegen Tyrosin (D266Y) besitzen.
- 20 Durch Insertions- oder Deletions-Mutagenese von mindestens einem Basenpaar beziehungsweise Nukleotid oder durch Insertion oder Deletion von mindestens einem Kodon in der Kodierregion oder durch Einbau eines Stopkodons durch Transitions- oder Transversions-Mutagenese in die
25 Kodierregion des *ilvA*-Gens lassen sich Allele isolieren, bei denen die Expression des *ilvA*-Gens im Allgemeinen vollständig ausgeschaltet ist. Diese Methode ist auch auf andere Gene, Allele oder offene Leserahmen wie beispielsweise das für die Threonin-Dehydrogenase
30 kodierende *tdh*-Gen übertragbar.

Darüber hinaus sind Bakterien der Familie Enterobacteriaceae geeignet, die in ihrem Wachstum resistent gegenüber der Hemmung durch L-Threonin und/ oder L-Homoserin sind. Threonin-resistente Stämme und deren
35 Herstellung sind beispielsweise bei Astaurova et al.

- (Prikladnaya Biokhimiya Microbiologiya (1985), 21(5), 485 als englische Übersetzung: Applied Biochemistry and Microbiology (1986), 21, 485-490)) beschrieben. Die von Austaurova beschriebene Mutante ist gegenüber 40 mg/ml L-Threonin resistent. Weiterhin ist beispielsweise in der US 5,175,107 der Stamm 472T23 beschrieben, der in Gegenwart von 5 mg/ml L-Threonin wachsen kann und gleichzeitig resistent gegen L-Homoserin ist. Der Stamm 472T232 ist unter der Zugangsnummer BKIIM B-2307 bei der VKPM und unter der Nummer ATCC 9801 bei der ATCC erhältlich. Weiterhin ist in der WO 00/09660 der Stamm DSM 9807 beschrieben, der auf einem festen Nährboden wachsen kann, welcher 7% L-Threonin enthält. Der Stamm DSM 9807 ist unter der Zugangsnummer KCCM-10132 bei der KCCM erhältlich. Schließlich ist in der WO 01/14525 der Stamm DSM 9906 beschrieben, der in einem Medium wachsen kann, das 60% bis 70% einer L-Threonin-Fermentationsmutterlauge (L-threonine fermentation mother liquid) enthält. Der Stamm DSM 9906 ist unter der Zugangsnummer KCCM-10168 bei der KCCM erhältlich.
- Es ist bekannt (siehe EP 0994 190 A2 und Livshits et al. (Research in Microbiology 154, 123-135 (2003))), dass durch Verstärkung des rhtA-Gens Resistenz gegenüber L-Threonin und L-Homoserin hervorgerufen wird. Die Verstärkung kann durch Erhöhung der Kopienzahl des Gens oder durch Einsatz der rhtA23-Mutation erzielt werden.

- In der EP 0 994 190 A2 wird beschrieben, dass die Verstärkung des rhtB-Gens Resistenz gegenüber L-Homoserin und L-Threonin, insbesondere gegen L-Homoserin bewirkt und die Threoninproduktion verbessert. Durch Überexpression des RhtB-Genproduktes in einem als N99 bezeichneten Stamm konnte die minimale Hemmkonzentration von 250 µg/ml auf 30000 µg/ml gesteigert werden.

- In der EP 1 013 765 A1 wird beschrieben, dass eine Verstärkung des rhtC-Gens Resistenz gegenüber L-Threonin hervorruft und die Threoninproduktion verbessert. Als

resistent gegenüber L-Threonin wird ein Stamm bezeichnet, der in Gegenwart einer Konzentration von mindestens 30 mg/ml L-Threonin auf einem Minimalagar wachsen kann. Es wird weiterhin beschrieben, dass eine Verstärkung des rhtB-
5 Gens Resistenz gegenüber L-Homoserin bewirkt und die Threoninproduktion verbessert. Als resistent gegenüber L-Homoserin wird ein Stamm bezeichnet, der in Gegenwart einer Konzentration von mindestens 5 mg/ml L-Homoserin auf einem Minimalagar wachsen kann. In der genannten Patentanmeldung
10 werden Stämme beschrieben, die resistent gegenüber 10 mg/ml L-Homoserin und resistent gegenüber 50 mg/ml L-Threonin sind. In der US 4,996,147 wird der Stamm H-4581 beschrieben, der gegen 15 g/l Homoserin resistent ist. Der Stamm H-4581 ist unter der Zugangsnummer FERM BP-1411 beim
15 National Institute of Advanced Industrial Science and Technology erhältlich.

In der EP 1 016 710 A2 wird beschrieben, dass eine Verstärkung des offenen Leserahmens bzw. Gens yfiK oder yeaS Resistenz gegenüber L-Threonin und L-Homoserin bewirkt.
20 Durch Überexpression des YfiK-Genproduktes in einem als TG1 bezeichneten Stamm konnte die minimale Hemmkonzentration bezüglich L-Homoserin von 500 µg/ml auf 1000 µg/ml und bezüglich L-Threonin von 30000 µg/ml auf 40000 µg/ml gesteigert werden. Durch Überexpression des YeaS-
25 Genproduktes konnte die minimale Hemmkonzentration bezüglich L-Homoserin von 500 µg/ml auf 1000 µg/ml und bezüglich L-Threonin von 30000 µg/ml auf 50000 µg/ml gesteigert werden. In der genannten Patentanmeldung wird weiterhin gezeigt, dass durch Überexpression des YfiK-
30 Genproduktes die Threoninproduktion verbessert wird.

Gemäß diesen technischen Anleitungen werden Stämme hergestellt die in Gegenwart von \geq (mindestens) ≥ 5 g/l, ≥ 10 , ≥ 20 g/l, ≥ 30 g/l, ≥ 40 g/l, ≥ 50 g/l, ≥ 60 g/l und ≥ 70 g/l L-Threonin wachsen können, d. h. gegenüber L-
35 Threonin resistent sind, und für die Herstellung von L-

Threonin in einem erfindungsgemäßen Verfahren geeignet sind.

Für das erfindungsgemäße Verfahren sind insbesondere Stämme geeignet, die mindestens folgende Merkmale aufweisen:

- 5 a) eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I, welche gegebenenfalls überexprimiert vorliegt, und
- b) ein Stopkodon ausgewählt aus der Gruppe opal, ochre und amber, bevorzugt amber im rpoS-Gen und einen t-RNA-Suppressor ausgewählt aus der Gruppe opal-Suppressor, ochre-Suppressor und amber-Suppressor, bevorzugt amber-Suppressor.

Für das erfindungsgemäße Verfahren sind außerdem insbesondere Stämme geeignet, die mindestens folgende

15 Merkmale aufweisen:

- a) eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I, welche gegebenenfalls überexprimiert vorliegt,
- b) nicht in der Lage sind unter aeroben Kulturbedingungen Threonin abzubauen, bevorzugt durch Abschwächung der Threonin-Dehydrogenase,
- c) eine mindestens partielle Isoleucin-Bedürftigkeit, und
- d) Wachstum in Gegenwart von mindestens 5 g/l Threonin.

Für das erfindungsgemäße Verfahren sind ganz besonders

25 Stämme geeignet, die mindestens folgende Merkmale aufweisen:

- a) eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I, welche gegebenenfalls überexprimiert vorliegt,

- b) ein Stopkodon ausgewählt aus der Gruppe opal, ochre und amber, bevorzugt amber im rpoS-Gen und einen t-RNA-Suppressor ausgewählt aus der Gruppe opal-Suppressor, ochre-Suppressor und amber-Suppressor, bevorzugt amber-Suppressor,
- 5
- c) nicht in der Lage sind unter aeroben Kulturbedingungen Threonin abzubauen, bevorzugt durch Abschwächung der Threonin-Dehydrogenase,
- d) eine mindestens partielle Isoleucin-Bedürftigkeit, und
- 10 e) Wachstum in Gegenwart von mindestens 5 g/l Threonin.

Darüber hinaus können die für das erfindungsgemäße Verfahren eingesetzten Bakterien weiterhin eines oder mehrere der folgenden Merkmale aufweisen:

- Abschwächung der vom pckA-Gen kodierten Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase (PEP-Carboxykinase) wie beispielsweise in der WO 02/29080 beschrieben,
- 15
- Abschwächung der vom pgi-Gen kodierten Phosphoglucose-Isomerase (Froman et al. Molecular and General Genetics 217(1):126-31 (1989)).
- Abschwächung des vom offenen Leserahmens ytfP kodierten YtfP-Genproduktes wie beispielsweise in der WO 02/29080 beschrieben,
- 20
- Abschwächung des vom offenen Leserahmen yjfa kodierten Yjfa-Genproduktes wie beispielsweise in der WO 02/29080 beschrieben,
- 25
- Abschwächung der vom poxB-Gen kodierten Pyruvat-Oxidase wie beispielsweise in der WO 02/36797 beschrieben,
- Abschwächung des vom offenen Leserahmen yjgF kodierten YjgF-Genproduktes wie beispielsweise in der
- 30 PCT/EP03/14271 beschrieben. Der yjgF-Orf von Escherichia

- coli ist von Wasinger VC. und Humphery-Smith I. (FEMS Microbiology Letters 169(2): 375-382 (1998)), Volz K. (Protein Science 8(11): 2428-2437 (1999)) und Parsons et al. (Biochemistry 42(1): 80-89 (2003)) beschrieben
5 worden. Die dazugehörigen Nukleotid bzw. Aminosäuresequenzen sind unter der Zugangsnummer (Accession No.) AE000495 in öffentlichen Datenbanken verfügbar. Der besseren Übersichtlichkeit halber sind diese als SEQ ID NO. 9 und SEQ ID NO. 10 dargestellt.
- 10 • Verstärkung der von den Genen pntA und pntB kodierten Transhydrogenase wie beispielsweise in der EP 0 733 712 A1 beschrieben,
- Verstärkung der von dem pps-Gen kodierten Phosphoenolpyruvat-Synthase wie beispielsweise in der EP
15 0 877 090 A1 beschrieben,
- Verstärkung der vom ppc-Gen kodierten Phosphoenolpyruvat-Carboxylase wie beispielsweise in der EP 0 723 011 A1 beschrieben, und
- 20 • Verstärkung des vom rseB-Gen kodierten Regulators RseB wie beispielsweise in der EP 1382685 beschrieben. Der Regulator RseB ist von Missiakas et al. (Molecular Microbiology 24(2), 355-371 (1997)), De Las Penas et al. (Molecular Microbiology 24(2): 373-385 (1997)) und Collinet et al. (Journal of Biological Chemistry
25 275(43): 33898-33904 (2000)) beschrieben worden. Die dazugehörigen Nukleotid bzw. Aminosäuresequenzen sind unter der Zugangsnummer (Accession No.) AE000343 in öffentlichen Datenbanken verfügbar.
- 30 • Verstärkung des vom galP-Gen kodierten Galaktose-Proton Symporter's (= Galaktose-Permease) wie beispielsweise in der DE 10314618.0 beschrieben. Das galP-Gen und seine Funktion sind von Macpherson et al. (The Journal of Biological Chemistry 258(7): 4390-4396 (1983)) und

Venter et al. (The Biochemical Journal 363(Pt 2): 243-252 (2002)) beschrieben worden. Die dazugehörigen Nukleotid bzw. Aminosäuresequenzen sind unter der Zugangsnummer (Accession No.) AE000377 in öffentlichen
5 Datenbanken verfügbar.

- Fähigkeit Saccharose als Kohlenstoffquelle verwenden zu können. Genetische Determinanten zur Saccharoseverwertung sind im Stand der Technik beispielsweise in der FR-A-2559781, bei Debabov (In:
10 Proceedings of the IV International Symposium on Genetics of Industrial Microorganisms 1982. Kodansha Ltd, Tokyo, Japan, p 254-258), Smith and Parsell (Journal of General Microbiology 87,129-140 (1975)) und Livshits et al. (In: Conference on Metabolic Bacterial
15 Plasmids. Tartusk University Press, Tallin, Estland (1982), p 132-134 und 144-146) und in der US 5,705,371 beschrieben. Die genetischen Determinanten zur Saccharoseverwertung des von Smith und Parsell beschriebenen Stammes H155 wurden durch Konjugation in
20 eine gegen Nalidixinsäure resistente Mutante von Escherichia coli K-12 überführt und die entsprechende Transkonjugante am 16. März 2004 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (Braunschweig, Deutschland) als DSM 16293 hinterlegt.
25 Genetische Determinanten zur Saccharoseverwertung sind ebenfalls in dem in der US 5,631,157 beschriebenen Stamm 472T23 enthalten, der bei der ATCC unter Bezeichnung ATCC 9801 erhältlich ist. Eine weitere genetische Determinante zur Saccharoseverwertung wurde von Bockmann
30 et al. (Molecular and General Genetics 235, 22-32 (1992)) beschrieben und ist unter der Bezeichnung csc-System bekannt.
- Verstärkung des vom offenen Leserahmen yedA kodierten YedA-Genproduktes wie beispielsweise in der WO 03/044191
35 beschrieben.

- Wachstum in Gegenwart mindestens 0,1 bis 0,5 mM oder mindestens 0,5 bis 1 mM Borrelidin (Borrelidinresistenz) wie in US 5,939,307 beschrieben. Der gegen Borrelidin resistente Stamm kat-13 ist unter der Zugangsnummer NRRL B-21593 bei der NRRL erhältlich.
5
- Wachstum in Gegenwart von mindestens 2 bis 2,5 g/l oder mindestens 2,5 bis 3 g/l Diaminovernsteinsäure (Diaminovernsteinsäure Resistenz) wie in WO 00/09661 beschrieben. Der gegen Diaminovernsteinsäure resistente Stamm DSM 9806 ist unter der Zugangsnummer KCCM-10133 bei der KCCM erhältlich.
10
- Wachstum in Gegenwart von mindestens 30 bis 40 mM oder mindestens 40 bis 50 mM α -Methylserin (α -Methylserin Resistenz) wie in WO 00/09661 beschrieben. Der gegen α -Methylserin resistente Stamm DSM 9806 ist unter der Zugangsnummer KCCM-10133 bei der KCCM erhältlich.
15
- Wachstum in Gegenwart von höchstens 30 mM oder höchstens 40 mM oder höchstens 50 mM Fluorobrenztraubensäure (Fluorobrenztraubensäure Sensitivität) wie in WO 00/09661 beschrieben. Der gegen Fluorobrenztraubensäure sensitive Stamm DSM 9806 ist unter der Zugangsnummer KCCM-10133 bei der KCCM erhältlich.
20
- Wachstum in Gegenwart von mindestens 210 mM oder mindestens 240 mM oder mindestens 270 mM oder mindestens 300 mM L-Glutaminsäure (Glutaminsäure Resistenz) wie in WO 00/09660 beschrieben. Der gegen Glutaminsäure resistente Stamm DSM 9807 ist unter der Zugangsnummer KCCM-10132 bei der KCCM erhältlich.
25
- Eine mindestens partielle Bedürftigkeit für Methionin. Ein Stamm mit einer mindestens partiellen Methionin Bedürftigkeit ist beispielsweise der in der US 5,017,483 beschriebene Stamm H-4257, der unter der Zugangsnummer FERM BP-984 beim National Institute of Advanced
30

Industrial Science and Technology erhältlich ist. Durch Zugabe von mindestens 25, 50 oder 100 mg/l L-Methionin ist die Bedürftigkeit kompensierbar.

- 5 • Eine mindestens partielle Bedürftigkeit für m-Diaminopimelinsäure. Ein Stamm mit einer mindestens partiellen m-Diaminopimelinsäure Bedürftigkeit ist beispielsweise der in der US 5,017,483 beschriebene Stamm H-4257, der unter der Zugangsnummer FERM BP-984 beim National Institute of Advanced Industrial Science and Technology erhältlich ist. Durch Zugabe von
10 mindestens 25, 50 oder 100 mg/l m-Diaminopimelinsäure ist die Bedürftigkeit kompensierbar.
- 15 • Wachstum in Gegenwart von mindestens 100 mg/l Rifampicin (Rifampicin Resistenz) wie in US 4,996,147 beschrieben. Der gegen Rifampicin resistente Stamm H-4581 ist unter der Zugangsnummer FERM BP-1411 beim National Institute of Advanced Industrial Science and Technology erhältlich.
- 20 • Wachstum in Gegenwart von mindestens 15 g/l L-Lysin (Lysin Resistenz) wie in US 4,996,147 beschrieben. Der gegen L-Lysin resistente Stamm H-4581 ist unter der Zugangsnummer FERM BP-1411 beim National Institute of Advanced Industrial Science and Technology erhältlich.
- 25 • Wachstum in Gegenwart von mindestens 15 g/l Methionin (Methionin Resistenz) wie in US 4,996,147 beschrieben. Der gegen Methionin resistente Stamm H-4581 ist unter der Zugangsnummer FERM BP-1411 beim National Institute of Advanced Industrial Science and Technology erhältlich.
- 30 • Wachstum in Gegenwart von mindestens 15 g/l L-Asparaginsäure (Asparaginsäure Resistenz) wie in US 4,996,147 beschrieben. Der gegen L-Asparaginsäure resistente Stamm H-4581 ist unter der Zugangsnummer FERM

BP-1411 beim National Institute of Advanced Industrial Science and Technology erhältlich.

- Verstärkung der vom pyc-Gen kodierten Pyruvat-Carboxylase. Geeignete pyc-Gene bzw. Allele sind
5 beispielsweise die von *Corynebacterium glutamicum* (WO 99/18228, WO 00/39305 und WO 02/31158), *Rhizobium etli* (US 6,455,284), *Bacillus subtilis* (EP 1092776).
Gegebenfalls kann auch das pyc-Gen von weiteren
10 Mikroorganismen verwendet werden, die endogen eine Pyruvat-Carboxylase enthalten, wie beispielsweise *Methanobacterium thermoautotrophicum* oder *Pseudomonas fluorescens*.

Bei Verwendung Saccharose-haltiger Nährmedien werden die
15 Stämme mit genetischen Determinanten zur Saccharoseverwertung ausgerüstet.

Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität oder
Konzentration eines oder mehrerer Enzyme oder Proteine in
einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA
20 kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des offenen Leserahmens, Gens oder Allels bzw. der offenen Leserahmen, Gene oder Allele um mindestens eine (1) Kopie erhöht, einen starken Promotor oder ein Gen oder Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym bzw. Protein
25 mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Bei den Maßnahmen der Verstärkung und auch bei den
Maßnahmen der Abschwächung wird die Verwendung endogener
Gene, Allele oder offener Leserahmen im Allgemeinen
30 bevorzugt. Unter „endogenen Genen“ oder „endogenen Nukleotidsequenzen“ versteht man die in der Population einer Art vorhandenen Gene oder offene Leserahmen oder Allele beziehungsweise Nukleotidsequenzen.

- Bei Verwendung von Plasmiden zur Erhöhung der Kopienzahl werden diese gegebenenfalls stabilisiert durch einen oder mehreren der genetischen Orte (Loci) ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus dem *parB* Locus des Plasmides R1
- 5 beschrieben von Rasmussen et al. (Molecular and General Genetics 209 (1), 122-128 (1987)), Gerdes et al. (Molecular Microbiology 4 (11), 1807-1818 (1990)) und Thistedt und Gerdes (Journal of Molecular Biology 223 (1), 41-54 (1992)), dem *flm* Locus des F Plasmids beschrieben von Loh
- 10 et al. (Gene 66 (2), 259-268 (1988)), dem *par* Locus des Plasmids pSC101 beschrieben von Miller et al. (Gene 24 (2-3), 309-315 (1983), dem *cer* Locus des Plasmids ColE1 beschrieben von Leung et al. (DNA 4 (5), 351-355 (1985), dem *par* Locus des Plasmids RK2 beschrieben von Sobecky et
- 15 al. (Journal of Bacteriology 178 (7), 2086-2093 (1996)) und Roberts and Helinsky (Journal of Bacteriology 174 (24), 8119-8132 (1992)), dem *par* Locus des Plasmids RP4 beschrieben von Eberl et al. (Molecular Microbiology 12 (1), 131-141 (1994)) and dem *para* Locus des Plasmids R1
- 20 beschrieben von Gerdes and Molin (Journal of Molecular Biology 190 (3), 269- 279 (1986)), Dam and Gerdes (Journal of Molecular Biology 236 (5), 1289- 1298 (1994)) and Jensen et al (Proceedings of the National Academy of Sciences USA 95 (15), 8550-8555 (1998).
- 25 Durch die Maßnahmen der Verstärkung, insbesondere Überexpression, wird die Aktivität oder Konzentration des entsprechenden Proteins oder Enzyms im Allgemeinen um mindestens 10%, 25%, 50%, 75%, 100%, 150%, 200%, 300%, 400% oder 500%, maximal bis 1000% oder 2000% bezogen auf die des
- 30 Wildtyp-Proteins beziehungsweise der Aktivität oder Konzentration des Proteins im Ausgangs-Mikroorganismus erhöht.

- Zur Erzielung einer Verstärkung können beispielsweise die Expression der Gene oder die katalytischen oder
- 35 funktionellen Eigenschaften der Enzyme oder Proteine erhöht.

werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen kombiniert werden.

So kann beispielsweise die Kopienzahl der entsprechenden Gene um mindestens eine (1) erhöht werden, oder es kann die

5 Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare

10 Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Threonin-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des

15 Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung

20 der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität oder Konzentration eines oder

25 mehrerer Enzyme oder Proteine in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor oder einen offenen Leserahmen oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym bzw. Protein mit einer niedrigen

30 Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Enzym bzw. Protein oder Gen inaktiviert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Durch die Maßnahmen der Abschwächung wird die Aktivität oder Konzentration des entsprechenden Proteins oder Enzyms

35 im Allgemeinen auf 0 bis 75%, 0 bis 50%, 0 bis 25%, 0 bis

10%, 0 bis 5% oder 0 bis 1% oder 0 bis 0,1% der Aktivität oder Konzentration des Wildtyp-Proteins, beziehungsweise der Aktivität oder Konzentration des Proteins im Ausgangs-Mikroorganismus, herabgesenkt.

- 5 Zur Erzielung einer Abschwächung können beispielsweise die Expression der Gene oder offenen Leserahmen oder die katalytischen oder funktionellen Eigenschaften der Enzyme oder Proteine herabgesetzt bzw. ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen kombiniert werden.
- 10 Die Verringerung der Genexpression kann durch geeignete Kulturführung, durch genetische Veränderung (Mutation) der Signalstrukturen der Genexpression oder auch durch Antisense-RNA Technik erfolgen. Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise Repressorgene,
- 15 Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren, Attenuatoren, Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem beispielsweise bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191-195 (1998)), bei Carrier und
- 20 Keasling (Biotechnology Progress 15: 58-64 (1999)), Franch und Gerdes (Current Opinion in Microbiology 3: 159-164 (2000)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie beispielsweise dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme
- 25 Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990).
- Mutationen, die zu einer Veränderung beziehungsweise Herabsetzung der katalytischen Eigenschaften von
- 30 Enzymproteinen führen, sind aus dem Stand der Technik bekannt. Als Beispiele seien die Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Yano et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 95: 5511-5515
- 35 (1998)), Wentz und Schachmann (Journal of Biological

Chemistry 266: 20833-20839 (1991)) genannt.

Zusammenfassende Darstellungen können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 5 1986) entnommen werden.

Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen, Insertionen und Deletionen von mindestens einem (1) Basenpaar bzw. Nukleotid in Betracht. In Abhängigkeit von der Wirkung des durch die Mutation hervorgerufenen

10 Aminosäureaustausches auf die Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen („missense mutations“) oder Nichtsinnmutationen („nonsense mutations“) gesprochen. Die Fehlsinnmutation führt zu einem Austausch einer gegebenen Aminosäure in einem Protein gegen eine andere, wobei es

15 sich insbesondere um einen nicht-konservativen Aminosäureaustausch handelt. Hierdurch wird die Funktionsfähigkeit bzw. Aktivität des Proteins beeinträchtigt und auf einen Wert von 0 bis 75%, 0 bis 50%, 0 bis 25%, 0 bis 10%, 0 bis 5% 0 bis 1% oder 0 bis 0,1%

20 reduziert. Die Nichtsinnmutation führt zu einem Stop-Kodon im Kodierbereich des Gens und damit zu einem vorzeitigen Abbruch der Translation. Insertionen oder Deletionen von mindestens einem Basenpaar in einem Gen führen zu Rasterverschiebungsmutationen („frame shift mutations“),

25 die dazu führen, dass falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die Translation vorzeitig abbricht. Entsteht als Folge der Mutation ein Stop-Kodon im Kodierbereich, so führt dies ebenfalls zu einem vorzeitigen Abbruch der Translation. Deletionen von mindestens einem (1) oder mehreren Kodonen

30 führen typischerweise ebenfalls zu einem vollständigen Ausfall der Enzymaktivität beziehungsweise Funktion.

Für das erfindungsgemäße Verfahren geeignete Stämme sind unter anderem der in der US 5,175,107 beschriebene Stamm BKIIM B-3996, der in der WO 00/09660 beschriebene Stamm

35 KCCM-10132 und Isoleucin bedürftige Mutanten des in der WO

98/04715 beschriebenen Stammes kat-13 geeignet.

Gegebenenfalls können Stämme mit den genannten Maßnahmen, insbesondere durch Einbau eines Stopkodons in das rpoS-Gen, beispielsweise eines amber-Kodons an die Stelle

- 5 entsprechend Position 33 der Aminosäuresequenz des RpoS-Proteins und gleichzeitigem Einbau eines korrespondierenden t-RNA-Suppressors beispielsweise supE an das erfindungsgemäße Verfahren adaptiert werden.

- Für das erfindungsgemäße Verfahren geeignete Stämme können
- 10 auch dadurch identifiziert werden, dass man die Nukleotidsequenz des rpoS-Gens in einem L-Threonin ausscheidenden Stamm von Escherichia coli bestimmt. Hierzu wird das rpoS-Gen kloniert oder mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert und die Nukleotidsequenz
- 15 bestimmt. Enthält das rpoS-Gen ein Stopkodon, so wird in einem zweiten Schritt geprüft, ob er ebenfalls einen korrespondierenden t-RNA-Suppressor enthält. Gegebenenfalls wird der auf diese Weise identifizierte Stamm mit den oben beschriebenen Eigenschaften wie beispielsweise
- 20 Überexpression des thrA-Allels, Abschwächung des unter aeroben Kulturbedingungen stattfindenden Threoninabbaus, Einführung einer mindestens partiellen Isoleucin-Bedürftigkeit bewirkenden Mutation in das ilvA-Gen oder Wachstum in Gegenwart von mindestens 5 g/l Threonin oder
- 25 mit einer oder mehreren der weiterhin aufgeführten Eigenschaften versehen.

Die genannten Eigenschaften beziehungsweise Merkmale können durch Transformation, Transduktion oder Konjugation in gewünschte Stämme übertragen werden.

- 30 Bei der Methode der Transformation wird isoliertes genetisches Material typischerweise DNA in einen Empfängerstamm eingeführt. Bei Bakterien der Familie Enterobacteriaceae wie z. B. Escherichia coli wird die DNA dazu in vitro in Plasmid- oder Phagen-DNA eingebaut und
- 35 diese dann in den Empfängerstamm überführt. Die

entsprechenden Methoden und Arbeitsvorschriften sind im Stand der Technik hinlänglich bekannt und beispielsweise im Handbuch von J. Sambrook (Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, 1989) ausführlich beschrieben.

Mit Hilfe der Methode des Gen- bzw. Allelaustauschs unter Verwendung konditional replizierender Plasmide können definierte Mutationen in geeignete Stämme transferiert werden. Bei einer definierten Mutation ist mindestens die Position im Chromosom, vorzugsweise die exakte Position der Veränderung der Nukleobase(n) und die Art der Änderung (Substitution, d.h. Transition oder Transversion, Insertion oder Deletion) bekannt. Gegebenenfalls wird die entsprechende DNA zunächst mit gebräuchlichen Methoden sequenziert. Eine gebräuchliche Methode zur Erzielung eines Gen- bzw. eines Allelaustauschs ist die von Hamilton et al. (Journal of Bacteriology 171: 4617-4622 (1989)) beschriebene, bei der das temperatursensitiv replizierende pSC101-Derivat pMAK705 verwendet wird. Mit dieser Methode können Allele vom Plasmid in das Chromosom überführt werden. In gleicher Weise können chromosomale Allele auf das Plasmid überführt werden. Andere im Stand der Technik beschriebene Methoden wie beispielsweise die von Martinez-Morales et al. (Journal of Bacteriology 181: 7143-7148 (1999)), die von Boyd et al. (Journal of Bacteriology 182: 842-847 (2000)) oder die in der WO 01/77345 beschriebene Methode können gleichfalls benutzt werden.

Diese Methode kann unter anderem eingesetzt werden, um rpoS-Allele, die beispielsweise Stop-Kodons enthalten, Suppressorgene wie beispielsweise supE, abgeschwächte tdh-Allele, die beispielsweise Deletionen enthalten, abgeschwächte ilvA-Allele, thrA-Allele, die für „feed back“ resistente Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I Varianten kodieren, die rhtA23-Mutation, abgeschwächte pck-Allele, abgeschwächte Allele des ytfP-ORF's, abgeschwächte

yjfa-ORF's, abgeschwächte poxB-Allele, abgeschwächte yjgF-ORF's in gewünschte Stämme einzufügen.

Bei der Methode der Transduktion wird ein genetisches Merkmal von einem Donorstamm unter Verwendung eines

- 5 Bacteriophagen in einen Empfängerstamm übertragen. Diese Methode gehört zum Stand der Technik und ist in Lehrbüchern wie beispielsweise dem von E. A. Birge (Bacterial and Bacteriophage Genetics, 4th ed., Springer Verlag, New York, USA, 2000) beschrieben.
- 10 Bei Escherichia coli wird typischerweise der Bacteriophage P1 für die generalisierte Transduktion (generalized transduction) (Lennox, Virology 1, 190-206 (1955) verwendet. Eine Zusammenfassung über die Methode der generalisierten Transduktion gibt der Aufsatz „Generalized
- 15 Transduktion“ von M. Masters, der im Lehrbuch von F. C. Neidhard (Escherichia coli and Salmonella Cellular and Molecular Biology, 2nd ed., ASM Press, Washington, DC, USA, 1996) enthalten ist. Praktische Anleitungen sind beispielsweise im Handbuch von J. H. Miller (A Short Course
- 20 In Bacterial Genetics. A Laboratory Manual and Handbook for Escherichia coli and Related Bacteria, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, USA, 1992) oder dem Handbuch von P. Gerhardt „Manual of Methods for General Bacteriology“ (American Society for Microbiology,
- 25 Washington, DC, USA, 1981) enthalten.

Mit Hilfe der Transduktion lassen sich Resistenz vermittelnde oder andere dominante genetische Eigenschaften wie beispielsweise Antibiotika-Resistenz (zum Beispiel Kanamycin-Resistenz, Chloramphenicol-Resistenz, Rifampicin-

- 30 Resistenz oder Borrelidin-Resistenz), Resistenz gegen Antimetabolite (zum Beispiel α -Amino- β -Hydroxyvaleriansäure-Resistenz, α -Methyl-Serin-Resistenz oder Diaminobernsteinsäure-Resistenz), Resistenz gegen Metabolite (zum Beispiel Threonin-Resistenz, Homoserin-
- 35 Resistenz, Glutaminsäure-Resistenz, Methionin-Resistenz,

Lysin-Resistenz oder Asparaginsäure-Resistenz) oder auch die Fähigkeit zur Saccharose-Verwertung in geeignete Empfängerstämme übertragen.

- Die Methode der Transduktion ist ebenfalls geeignet um
- 5 sogenannte nicht selektierbare genetische Eigenschaften wie beispielsweise Aminosäure-Auxotrophien bzw. Bedürftigkeiten (zum Beispiel Isoleucin-Bedürftigkeit, Methionin-Bedürftigkeit oder m-Diaminopimelinsäure-Bedürftigkeit), Vitamin-Bedürftigkeiten oder Sensitivität gegen
- 10 Antimetabolite (zum Beispiel Fluorobrenztraubensäure-Sensitivität) in Empfängerstämme einzuführen. Hierzu verwendet man E. coli Stämme, die in einem Abstand von ungefähr einer Minute auf dem Chromosom das Transposon Tn10 oder Tn10kan enthalten. Diese Stämme sind unter dem Begriff
- 15 „Singer Kollektion“ oder „Singer/Gross Kollektion“ bekannt (Singer et al., Microbiological Reviews 53, 1-24, 1989). Diese Stämme sind beim E. coli Genetic Stock Center der Universität Yale (New Haven, CT, USA) allgemein verfügbar. Weitere Angaben findet man in dem Aufsatz von M. K. B.
- 20 Berlyn et al. "Linkage Map of Escherichia coli K-12, Edition 9", der im Lehrbuch von F. C. Neidhard (Escherichia coli and Salmonella Cellular and Molecular Biology, 2nd ed., ASM Press, Washington, DC, USA, 1996) enthalten ist. In ähnlicher Weise lassen sich nicht direkt selektierbare
- 25 genetische Eigenschaften (zum Beispiel Fluorobrenztraubensäure-Sensitivität, Suppressormutationen) und auch solche, deren Mutationsort nicht bekannt ist, in verschiedene Stämme übertragen. Anleitungen hierzu findet man unter anderem in dem Lehrbuch von J. Scaife et al.
- 30 (Genetics of Bacteria, Academic Press, London, UK, 1985), in dem oben erwähnten Aufsatz von M. Masters und in dem oben erwähnten Handbuch von J. H. Miller. Das mit dem Transposon Tn10 eingeführte Tetrazyklin-Resistenzgen kann gegebenenfalls mit der von Bochner et al. (Journal of
- 35 Bacteriology 143, 926-933 (1980)) beschriebenen Methode wieder entfernt werden.

Bei der Methode Konjugation wird genetisches Material durch Zell-Zell Kontakt von einem Donor in einen Empfänger übertragen. Der konjugative Transfer des F-Faktors (F: feritility) , der konjugative Gentransfer unter Verwendung von Hfr-Stämmen (Hfr: high frequency of recombination) und Stämmen, die einen F'-Faktor (F': F prime) tragen, gehören zu den klassischen Verfahren der Genetik. Zusammenfassende Darstellungen findet man unter anderem in dem Standardwerk von F. C. Neidhard (Escherichia coli and Salmonella Cellular and Molecular Biology, 2nd ed., ASM Press, Washington, DC, USA, 1996). Praktische Anleitungen sind beispielsweise im Handbuch von J. H. Miller (A Short Course In Bacterial Genetics. A Laboratory Manual and Handbook for Escherichia coli and Related Bacteria, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, USA, 1992) oder dem Handbuch von P. Gerhardt „Manual of Methods for General Bacteriology“ (American Society for Microbiology, Washington, DC, USA, 1981) enthalten. F-, F' und Hfr-Stämme sind beim E. coli Genetic Stock Center der Universität Yale (New Haven, CT, USA) allgemein verfügbar.

Die Methode der Konjugation wurde beispielsweise eingesetzt, um die von Thèze und Saint-Girons (Journal of Bacteriology 118, 990-998 (1974)) beschriebene Mutation thrC1010 in den Stamm MG442 (Debabov, Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology 79, 113-136 (2003) zu transferieren. Im Stand der Technik beispielsweise bei Schmid et al. (Journal of Bacteriology 151, 68-76 (1982)) oder Smith und Parsell (Journal of General Microbiology 87, 129-140 (1975)) und Livshits et al. (In: Conference on Metabolic Bacterial Plasmids. Tartusk University Press, Tallin, Estland (1982), p 132-134 und 144-146) sind konjugative Plasmide beschrieben, die die Fähigkeit zur Saccharoseverwertung tragen. So berichtet Debabov (In: Proceedings of the IVth International Symposium on Genetics of Industrial Microorganisms 1982. Kodansha Ltd, Tokyo, Japan, p 254-258) von der Konstruktion Threonin

produzierender Stämme, in die mit Hilfe der Konjugation die Fähigkeit zur Saccharoseverwertung eingebaut wurde.

Patentansprüche:

1. Verfahren zur Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von L-Threonin produzierenden Bakterien der Familie Enterobacteriaceae, dadurch gekennzeichnet, dass man

a) das Bakterium in mindestens einem ersten Nährmedium inokuliert und kultiviert,

b) einen Teil der Fermentationsbrühe abtrennt, wobei mehr als 90 Vol.-% des Gesamtvolumens der Fermentationsbrühe im Fermentationsbehälter verbleiben, anschließend

c) die verbleibende Fermentationsbrühe mit einem oder mehreren Nährmedien auffüllt, wobei das weitere Nährmedium oder die weiteren Nährmedien mindestens eine Kohlenstoffquelle, mindestens eine Stickstoffquelle und mindestens eine Phosphorquelle enthalten, und die Kultivierung unter Bedingungen die die Bildung von L-Threonin erlauben, fortsetzt,

d) die Schritte b) und c) gegebenenfalls mehrfach durchführt, und

e) die Konzentration der Kohlenstoffquelle(n) während der Kultivierung gemäß Schritt c) und/oder d) bei maximal 30 g/l eingestellt wird.

2. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass der Kultivierungsschritt (a) nach dem Satzverfahren (batch) durchgeführt wird.

3. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass der Kultivierungsschritt (a) nach dem Zulaufverfahren (fed batch) durchgeführt wird, wobei mindestens ein Zusatz-Nährmedium eingesetzt wird.

4. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Fermentationsbrühe zu weniger als 8 Vol.-% abgetrennt wird.
- 5 5. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Fermentationsbrühe zu weniger als 5 Vol.-% abgetrennt wird.
6. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Fermentationsbrühe zu weniger als 2 Vol.-% abgetrennt wird.
- 10 7. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass das gebildete L-Threonin gereinigt wird.
- 15 8. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei der Kohlenstoffquelle um eine oder mehrere der Verbindungen ausgewählt aus der Gruppe Saccharose, Melasse aus Zuckerrüben oder Zuckerrohr, Fruktose, Glukose, Stärkehydrolysat, Cellulosehydrolysat, Arabinose, Maltose, Xylose, Essigsäure, Ethanol und Methanol handelt.
- 20 9. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei der Stickstoffquelle um eine oder mehrere organische, Stickstoff-haltige Stoffe oder Stoffgemische ausgewählt aus der Gruppe Peptone, Hefeextrakte, Fleischextrakte, Malzextrakte, 25 Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff und/oder um eine oder mehrere der anorganischen Verbindungen ausgewählt aus der Gruppe Ammoniak, Ammonium-haltige Salze und Salze der Salpetersäure handelt.
- 30 10. Verfahren gemäß Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei Ammonium-haltigen Salzen und Salzen der Salpetersäure um Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat, Ammoniumnitrat, Kaliumnitrat und Kaliumnatriumnitrat handelt.

11. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei der Phosphorquelle um Phosphorsäure oder deren Alkali- oder Erdalkalisalze, oder deren Polymere oder der Phytinsäure handelt.
- 5 12. Verfahren gemäß Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei den Alkalisalzen der Phosphorsäure um Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze handelt.
- 10 13. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei den Bakterien der Familie Enterobacteriaceae um die Art Escherichia coli handelt.
14. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
15 dass das Bakterium der Familie Enterobacteriaceae mindestens ein thrA-Gen oder Allel enthält, das für eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I kodiert.
15. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
20 dass das Bakterium der Familie Enterobacteriaceae ein Stopkodon ausgewählt aus der Gruppe opal, ochre und amber, bevorzugt amber im rpoS-Gen und einen t-RNA-Suppressor ausgewählt aus der Gruppe opal-Suppressor, ochre-Suppressor und amber-Suppressor, bevorzugt
25 amber-Suppressor enthält.
16. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Schritte (b) und (c) gemäß (d) 0 bis 100 mal, bevorzugt 2 bis 80 mal, bevorzugt 4 bis 50 mal und besonders bevorzugt 5 bis 30 mal wiederholt werden.
- 30 17. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Zeit zwischen vollständigen Abtrennen der Fermentationsbrühe auf mehr als 90 Vol.-% des

Gesamtvolumens und dem vollständigen Auffüllen von Nährmedien auf ca. 100% maximal 5 Stunden, beträgt.

18. Verfahren gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet,
5 dass das vollständige Auffüllen von Nährmedien maximal 2 Stunden beträgt.
19. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass in dem zugeführtem Nährmedium oder den
zugeführten Nährmedien ein Phosphor zu
Kohlenstoffverhältnis (P/C Verhältnis) von maximal 4;
10 von maximal 3; von maximal 2; von maximal 1,5; von
maximal 1; von maximal 0,7; von maximal 0,5; maximal
0,48; maximal 0,46; maximal 0,44; maximal 0,42;
maximal 0,40; maximal 0,38; maximal 0,36; maximal
0,34; maximal 0,32; maximal 0,30 eingestellt wird.
- 15 20. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
dass die entnommene Kulturbrühe mit Sauerstoff oder
einem sauerstoffhaltigen Gas versehen wird bis die
Konzentration der Kohlenstoffquelle unter 2 g/l; unter
1 g/l; unter 0,5 g/l sinkt.
- 20 21. Verfahren gemäß Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet,
dass das gebildete L-Threonin gereinigt wird.
22. Verfahren gemäß Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet,
dass man zunächst die Biomasse aus der entnommenen
Kultur in Schritt (b) zu mindestens 90% entfernt und
25 anschließend das Wasser zu mindestens 90% entfernt.
23. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch
gekennzeichnet, dass die Konzentration der
Kohlenstoffquelle während der Kultur bei maximal 20,
10 oder 5 g/l eingestellt wird.
- 30 24. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch
gekennzeichnet, dass die Konzentration der

Kohlenstoffquelle während der Kultur bei maximal 5 oder 2 g/l eingestellt wird.

25. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Konzentration der Kohlenstoffquelle während der Kultur bei maximal 5 g/l eingestellt wird.
26. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Konzentration der Kohlenstoffquelle während der Kultur bei maximal 2 g/l eingestellt wird.
27. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Ausbeute des gebildeten L-Threonins, bezogen auf die eingesetzte Kohlenstoffquelle, mindestens 31% beträgt.
28. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Ausbeute des gebildeten L-Threonins, bezogen auf die eingesetzte Kohlenstoffquelle, mindestens 37% beträgt.
29. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Ausbeute des gebildeten L-Threonins, bezogen auf die eingesetzte Kohlenstoffquelle, mindestens 42% beträgt.
30. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Ausbeute des gebildeten L-Threonins, bezogen auf die eingesetzte Kohlenstoffquelle, mindestens 48% beträgt.
31. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass L-Threonin mit einer Raum-Zeit-Ausbeute von 5,0 bis mehr als 8,0 g/l pro Std. gebildet wird.

32. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass L-Threonin mit einer Raum-Zeit-Ausbeute von 3,5 bis mehr als 5,0 g/l pro Std. gebildet wird.
- 5 33. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass L-Threonin mit einer Raum-Zeit-Ausbeute von 2,5 bis mehr als 3,5 g/l pro Std. gebildet wird.
- 10 34. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass ein Zulaufverfahren im Kultivierungsschritt (a) angewandt wird, und dass L-Threonin mit einer Raum-Zeit-Ausbeute von mindestens 2,5 bis 5,0 g/l pro Std. gebildet wird.
- 15 35. Saccharose verwertende Transkonjugante von Escherichia coli K-12 hinterlegt als DSM 16293 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (Braunschweig, Deutschland).
- 20 36. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass man Stämme einsetzt, die mindestens folgende Merkmale aufweisen:
- 25 a) eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I, welche gegebenenfalls überexprimiert vorliegt, und
- b) ein Stopkodon ausgewählt aus der Gruppe opal, ochre und amber, bevorzugt amber im rpoS-Gen und einen t-RNA-Suppressor ausgewählt aus der Gruppe opal-Suppressor, ochre-Suppressor und amber-Suppressor.
- 30 37. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass man Stämme einsetzt, die mindestens folgende Merkmale aufweisen:

- 5
- a) eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I, welche gegebenenfalls überexprimiert vorliegt,
 - b) nicht in der Lage sind unter aeroben Kulturbedingungen Threonin abzubauen,
 - c) eine mindestens partielle Isoleucin-Bedürftigkeit, und
 - d) Wachstum in Gegenwart von mindestens 5 g/l Threonin.
- 10 38. Verfahren gemäß Anspruch 1, 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, dass man Stämme einsetzt, die mindestens folgende Merkmale aufweisen:
- 15
- a) eine Threonin-insensitive Aspartatkinase I - Homoserindehydrogenase I, welche gegebenenfalls überexprimiert vorliegt,
 - b) ein Stopkodon ausgewählt aus der Gruppe opal, ochre und amber, bevorzugt amber im rpoS-Gen und einen t-RNA-Suppressor ausgewählt aus der Gruppe opal-Suppressor, ochre-Suppressor und amber-Suppressor,
 - c) nicht in der Lage sind unter aeroben Kulturbedingungen Threonin abzubauen, bevorzugt durch Abschwächung der Threonin-Dehydrogenase,
 - d) eine mindestens partielle Isoleucin-Bedürftigkeit, und
 - e) Wachstum in Gegenwart von mindestens 5 g/l Threonin.
- 20
- 25
39. Verfahren gemäß Anspruch 36, 37 oder 38, dadurch gekennzeichnet, dass der eingesetzte Stamm zusätzlich

eines oder mehrere der Merkmale ausgewählt aus der Gruppe

- 5 39.1 Abschwächung der vom pckA-Gen kodierten
Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase,
- 39.2 Abschwächung der vom pgi-Gen kodierten
Phosphoglucose-Isomerase,
- 39.3 Abschwächung des vom offenen Leserahmens ytfP
kodierten YtfP-Genproduktes,
- 10 39.4 Abschwächung des vom offenen Leserahmen yjfa
kodierten Yjfa-Genproduktes,
- 39.5 Abschwächung der vom poxB-Gen kodierten Pruvat-
Oxidase,
- 39.6 Abschwächung des vom offenen Leserahmen yjgF
kodierten YjgF-Genproduktes,
- 15 39.7 Verstärkung der von den Genen pntA und pntB
kodierten Transhydrogenase,
- 39.8 Verstärkung der von dem pps-Gen kodierten
Phosphoenolpyruvat-Synthase,
- 20 39.9 Verstärkung der vom ppc-Gen kodierten
Phosphoenolpyruvat-Carboxylase,
- 39.10 Verstärkung des vom rseB-Gen kodierten
Regulators RseB,
- 39.11 Verstärkung des vom galP-Gen kodierten
Galaktose-Proton Symporter's,
- 25 39.12 Fähigkeit Saccharose als Kohlenstoffquelle
verwenden zu können,
- 39.13 Verstärkung des vom offenen Leserahmens yedA
kodierten YedA-Genproduktes,

- 5 39.14 Wachstum in Gegenwart mindestens 0,1 bis 0,5 mM
oder mindestens 0,5 bis 1 mM Borrelidin
(Borrelidinresistenz),
- 10 39.15 Wachstum in Gegenwart von mindestens 2 bis 2,5
g/l oder mindestens 2,5 bis 3 g/l
Diaminobernsteinsäure (Diaminobernsteinsäure
Resistenz),
- 15 39.16 Wachstum in Gegenwart von mindestens 30 bis 40
mM oder mindestens 40 bis 50 mM α -Methylserin
(α -Methylserin Resistenz),
- 20 39.17 Wachstum in Gegenwart von höchstens 30 mM oder
höchstens 40 mM oder höchstens 50 mM
Fluorobrenztraubensäure
(Fluorobrenztraubensäure Sensitivität),
- 25 39.18 Wachstum in Gegenwart von mindestens 210 mM
oder mindestens 240 mM oder mindestens 270 mM
oder mindestens 300 mM L-Glutaminsäure
(Glutaminsäure Resistenz),
- 30 39.19 Eine mindestens partielle Bedürftigkeit für
Methionin,
- 39.20 Eine mindestens partielle Bedürftigkeit für m-
Diaminopimelinsäure,
- 39.21 Wachstum in Gegenwart von mindestens 100 mg/l
Rifampicin (Rifampicin Resistenz),
- 39.22 Wachstum in Gegenwart von mindestens 15 g/l L-
Lysin (Lysin Resistenz),
- 39.23 Wachstum in Gegenwart von mindestens 15 g/l
Methionin (Methionin Resistenz),
- 39.24 Wachstum in Gegenwart von mindestens 15 g/l L-
Asparaginsäure (Asparaginsäure Resistenz), und

39.25 Verstärkung der vom pyc-Gen kodierten Pyruvat-
Carboxylase

enthalten.

Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft ein verbessertes Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von L-Threonin produzierenden Bakterien der Familie

5 Enterobacteriaceae.

SEQUENZPROTOKOLL

5 <110> Degussa AG

<120> Verfahren zur Herstellung von L-Threonin

10 <130> 030235BT

<160> 10

15 <170> PatentIn version 3.1

20 <210> 1
 <211> 993
 <212> DNA
 <213> Escherichia coli

25 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(990)
 <223> rpoS-Gen

30 <400> 1

35	atg agt cag aat acg ctg aaa gtt cat gat tta aat gaa gat gcg gaa Met Ser Gln Asn Thr Leu Lys Val His Asp Leu Asn Glu Asp Ala Glu 1 5 10 15	48
40	ttt gat gag aac gga gtt gag gtt ttt gac gaa aag gcc tta gta gaa Phe Asp Glu Asn Gly Val Glu Val Phe Asp Glu Lys Ala Leu Val Glu 20 25 30	96
50	cag gaa ccc agt gat aac gat ttg gcc gaa gag gaa ctg tta tcg cag Gln Glu Pro Ser Asp Asn Asp Leu Ala Glu Glu Glu Leu Leu Ser Gln 35 40 45	144
55	gga gcc aca cag cgt gtg ttg gac gcg act cag ctt tac ctt ggt gag Gly Ala Thr Gln Arg Val Leu Asp Ala Thr Gln Leu Tyr Leu Gly Glu 50 55 60	192
60	att ggt tat tca cca ctg tta acg gcc gaa gaa gaa gtt tat ttt gcg Ile Gly Tyr Ser Pro Leu Leu Thr Ala Glu Glu Glu Val Tyr Phe Ala 65 70 75 80	240
65	cgt cgc gca ctg cgt gga gat gtc gcc tct cgc cgc cgg atg atc gag Arg Arg Ala Leu Arg Gly Asp Val Ala Ser Arg Arg Arg Met Ile Glu 85 90 95	288
70	agt aac ttg cgt ctg gtg gta aaa att gcc cgc cgt tat ggc aat cgt Ser Asn Leu Arg Leu Val Val Lys Ile Ala Arg Arg Tyr Gly Asn Arg 100 105 110	336
75	ggt ctg gcg ttg ctg gac ctt atc gaa gag gcc aac ctg ggg ctg atc Gly Leu Ala Leu Leu Asp Leu Ile Glu Glu Gly Asn Leu Gly Leu Ile 115 120 125	384

	cgc gcg gta gag aag ttt gac ccg gaa cgt ggt ttc cgc ttc tca aca	432
	Arg Ala Val Glu Lys Phe Asp Pro Glu Arg Gly Phe Arg Phe Ser Thr	
	130 135 140	
5	tac gca acc tgg tgg att cgc cag acg att gaa cgg gcg att atg aac	480
	Tyr Ala Thr Trp Trp Ile Arg Gln Thr Ile Glu Arg Ala Ile Met Asn	
	145 150 155 160	
10	caa acc cgt act att cgt ttg ccg att cac atc gta aag gag ctg aac	528
	Gln Thr Arg Thr Ile Arg Leu Pro Ile His Ile Val Lys Glu Leu Asn	
	165 170 175	
15	gtt tac ctg cga acc gca cgt gag ttg tcc cat aag ctg gac cat gaa	576
	Val Tyr Leu Arg Thr Ala Arg Glu Leu Ser His Lys Leu Asp His Glu	
	180 185 190	
	cca agt gcg gaa gag atc gca gag caa ctg gat aag cca gtt gat gac	624
	Pro Ser Ala Glu Glu Ile Ala Glu Gln Leu Asp Lys Pro Val Asp Asp	
	195 200 205	
20	gtc agc cgt atg ctt cgt ctt aac gag cgc att acc tcg gta gac acc	672
	Val Ser Arg Met Leu Arg Leu Asn Glu Arg Ile Thr Ser Val Asp Thr	
	210 215 220	
25	ccg ctg ggt ggt gat tcc gaa aaa gcg ttg ctg gac atc ctg gcc gat	720
	Pro Leu Gly Gly Asp Ser Glu Lys Ala Leu Leu Asp Ile Leu Ala Asp	
	225 230 235 240	
30	gaa aaa gag aac ggt ccg gaa gat acc acg caa gat gac gat atg aag	768
	Glu Lys Glu Asn Gly Pro Glu Asp Thr Thr Gln Asp Asp Asp Met Lys	
	245 250 255	
35	cag agc atc gtc aaa tgg ctg ttc gag ctg aac gcc aaa cag cgt gaa	816
	Gln Ser Ile Val Lys Trp Leu Phe Glu Leu Asn Ala Lys Gln Arg Glu	
	260 265 270	
40	gtg ctg gca cgt cga ttc ggt ttg ctg ggg tac gaa gcg gca aca ctg	864
	Val Leu Ala Arg Arg Phe Gly Leu Leu Gly Tyr Glu Ala Ala Thr Leu	
	275 280 285	
	gaa gat gta ggt cgt gaa att ggc ctc acc cgt gaa cgt gtt cgc cag	912
	Glu Asp Val Gly Arg Glu Ile Gly Leu Thr Arg Glu Arg Val Arg Gln	
	290 295 300	
45	att cag gtt gaa ggc ctg cgc cgt ttg cgc gaa atc ctg caa acg cag	960
	Ile Gln Val Glu Gly Leu Arg Arg Leu Arg Glu Ile Leu Gln Thr Gln	
	305 310 315 320	
50	ggg ctg aat atc gaa gcg ctg ttc cgc gag taa	993
	Gly Leu Asn Ile Glu Ala Leu Phe Arg Glu	
	325 330	
55	<210> 2	
	<211> 330	
	<212> PRT	
	<213> Escherichia coli	
60	<400> 2	
	Met Ser Gln Asn Thr Leu Lys Val His Asp Leu Asn Glu Asp Ala Glu	
	1 5 10 15	
65	Phe Asp Glu Asn Gly Val Glu Val Phe Asp Glu Lys Ala Leu Val Glu	
	20 25 30	

[illegible]

<220>
 <221> Allel
 <222> (1)..(990)
 <223> rpoS-Allel

5

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (97)..(99)
 <223> amber-Codon

10

<400> 3

15

atgagtcaga atacgctgaa agttcatgat ttaaataag atgcggaatt tgatgagaac 60

ggagttgagg tttttgacga aaaggcctta gtagaatagg aaccagtgga taacgatttg 120

gccgaagagg aactgttata gcagggagcc acacagcgtg tggtggacgc gactcagctt 180

20

taccttggtg agattggtta ttcaccactg ttaacggccg aagaagaagt ttattttgcg 240

cgtcgcgcac tgcgtggaga tgtcgctctt cgccgccgga tgatcgagag taacttgctg 300

25

ctggtggtaa aaattgcccc cgttatggc aatcgtggtc tggcgttgct ggaccttata 360

gaagagggca acctggggct gatccgcgcg gtagagaagt ttgacctgga acgtggtttc 420

cgcttctcaa catacgcaac ctggtggatt cgccagacga ttgaacgggc gattatgaac 480

30

caaaccgta ctattcgttt gccgattcac atcgtaaagg agctgaacgt ttacctgca 540

accgcacgtg agttgtccca taagctggac catgaaccaa gtgcggaaga gatcgagag 600

35

caactggata agccagttga tgacgtcagc cgtatgcttc gtcttaacga gcgcattacc 660

tcggtagaca ccccgctggg tgggtgattcc gaaaaagcgt tgctggacat cctggccgat 720

gaaaaagaga acggtccgga agataccacg caagatgacg atatgaagca gagcatcgtc 780

40

aatggctgt tcgagctgaa cgccaaacag cgtgaagtgc tggcacgtcg attcggtttg 840

ctggggtacg aagcggcaac actggaagat gtaggtcggt aaattggcct caccctgtaa 900

45

cgtgttcgcc agattcaggt tgaaggcctg cgccgtttgc gcgaaatcct gcaaacgcag 960

gggtgaata tcgaagcgct gttccgcgag taa 993

<210> 4
 <211> 75
 <212> DNA
 <213> Escherichia coli

50

<220>
 <221> tRNA
 <222> (1)..(75)
 <223> supE-Allel

55

<400> 4

60

tggggtatcg ccaagcggta aggcaccgga ttctaattcc ggcattccga ggttcgaatc 60

ctcgtacccc agcca

75

<210> 5
 <211> 1545
 <212> DNA
 <213> Escherichia coli

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1542)
 <223> ilvA-Gen

10

<400> 5
 atg gct gac tcg caa ccc ctg tcc ggt gct ccg gaa ggt gcc gaa tat 48
 Met Ala Asp Ser Gln Pro Leu Ser Gly Ala Pro Glu Gly Ala Glu Tyr
 1 5 10 15
 tta aga gca gtg ctg cgc gcg ccg gtt tac gag gcg gcg cag gtt acg 96
 Leu Arg Ala Val Leu Arg Ala Pro Val Tyr Glu Ala Ala Gln Val Thr
 20 25 30
 ccg cta caa aaa atg gaa aaa ctg tcc tcc cgt ctt gat aac gtc att 144
 Pro Leu Gln Lys Met Glu Lys Leu Ser Ser Arg Leu Asp Asn Val Ile
 35 40 45
 ctg gtg aag cgc gaa gat cgc cag cca gtg cac agc ttt aag ctg cgc 192
 Leu Val Lys Arg Glu Asp Arg Gln Pro Val His Ser Phe Lys Leu Arg
 50 55 60
 ggc gca tac gcc atg atg gcg ggc ctg acg gaa gaa cag aaa gcg cac 240
 Gly Ala Tyr Ala Met Met Ala Gly Leu Thr Glu Glu Gln Lys Ala His
 65 70 75 80
 ggc gtg atc act gct tct gcg ggt aac cac gcg cag ggc gtc gcg ttt 288
 Gly Val Ile Thr Ala Ser Ala Gly Asn His Ala Gln Gly Val Ala Phe
 85 90 95
 tct tct gcg cgg tta ggc gtg aag gcc ctg atc gtt atg cca acc gcc 336
 Ser Ser Ala Arg Leu Gly Val Lys Ala Leu Ile Val Met Pro Thr Ala
 100 105 110
 acc gcc gac atc aaa gtc gac gcg gtg cgc ggc ttc ggc ggc gaa gtg 384
 Thr Ala Asp Ile Lys Val Asp Ala Val Arg Gly Phe Gly Gly Glu Val
 115 120 125
 ctg ctc cac ggc gcg aac ttt gat gaa gcg aaa gcc aaa gcg atc gaa 432
 Leu Leu His Gly Ala Asn Phe Asp Glu Ala Lys Ala Lys Ala Ile Glu
 130 135 140
 ctg tca cag cag cag ggg ttc acc tgg gtg ccg ccg ttc gac cat ccg 480
 Leu Ser Gln Gln Gln Gly Phe Thr Trp Val Pro Pro Phe Asp His Pro
 145 150 155 160
 atg gtg att gcc ggg caa ggc acg ctg gcg ctg gaa ctg ctc cag cag 528
 Met Val Ile Ala Gly Gln Gly Thr Leu Ala Leu Glu Leu Leu Gln Gln
 165 170 175
 gac gcc cat ctc gac cgc gta ttt gtg cca gtc ggc ggc ggc ggt ctg 576
 Asp Ala His Leu Asp Arg Val Phe Val Pro Val Gly Gly Gly Gly Leu
 180 185 190
 gct gct ggc gtg gcg gtg ctg atc aaa caa ctg atg ccg caa atc aaa 624
 Ala Ala Gly Val Ala Val Leu Ile Lys Gln Leu Met Pro Gln Ile Lys
 195 200 205

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

	gtg atc gcc gta gaa gcg gaa gac tcc gcc tgc ctg aaa gca gcg ctg	672
	Val Ile Ala Val Glu Ala Glu Asp Ser Ala Cys Leu Lys Ala Ala Leu	
	210 215 220	
5	gat gcg ggt cat ccg gtt gat ctg ccg cgc gta ggg cta ttt gct gaa	720
	Asp Ala Gly His Pro Val Asp Leu Pro Arg Val Gly Leu Phe Ala Glu	
	225 230 235 240	
10	ggc gta gcg gta aaa cgc atc ggt gac gaa acc ttc cgt tta tgc cag	768
	Gly Val Ala Val Lys Arg Ile Gly Asp Glu Thr Phe Arg Leu Cys Gln	
	245 250 255	
15	gag tat ctc gac gac atc atc acc gtc gat agc gat gcg atc tgt gcg	816
	Glu Tyr Leu Asp Asp Ile Ile Thr Val Asp Ser Asp Ala Ile Cys Ala	
	260 265 270	
20	gcg atg aag gat tta ttc gaa gat gtg cgc gcg gtg gcg gaa ccc tct	864
	Ala Met Lys Asp Leu Phe Glu Asp Val Arg Ala Val Ala Glu Pro Ser	
	275 280 285	
25	ggc gcg ctg gcg ctg gcg gga atg aaa aaa tat atc gcc ctg cac aac	912
	Gly Ala Leu Ala Leu Ala Gly Met Lys Lys Tyr Ile Ala Leu His Asn	
	290 295 300	
30	att cgc gcg gaa cgg ctg gcg cat att ctt tcc ggt gcc aac gtg aac	960
	Ile Arg Gly Glu Arg Leu Ala His Ile Leu Ser Gly Ala Asn Val Asn	
	305 310 315 320	
35	ttc cac gcg ctg cgc tac gtc tca gaa cgc tgc gaa ctg ggc gaa cag	1008
	Phe His Gly Leu Arg Tyr Val Ser Glu Arg Cys Glu Leu Gly Glu Gln	
	325 330 335	
40	cgt gaa gcg ttg ttg gcg gtg acc att ccg gaa gaa aaa ggc agc ttc	1056
	Arg Glu Ala Leu Leu Ala Val Thr Ile Pro Glu Glu Lys Gly Ser Phe	
	340 345 350	
45	ctc aaa ttc tgc caa ctg ctt ggc ggg cgt tgc gtc acc gag ttc aac	1104
	Leu Lys Phe Cys Gln Leu Leu Gly Gly Arg Ser Val Thr Glu Phe Asn	
	355 360 365	
50	tac cgt ttt gcc gat gcc aaa aac gcc tgc atc ttt gtc ggt gtg cgc	1152
	Tyr Arg Phe Ala Asp Ala Lys Asn Ala Cys Ile Phe Val Gly Val Arg	
	370 375 380	
55	ctg agc cgc ggc ctc gaa gag cgc aaa gaa att ttg cag atg ctc aac	1200
	Leu Ser Arg Gly Leu Glu Glu Arg Lys Glu Ile Leu Gln Met Leu Asn	
	385 390 395 400	
60	gac ggc ggc tac agc gtg gtt gat ctc tcc gac gac gaa atg gcg aag	1248
	Asp Gly Gly Tyr Ser Val Val Asp Leu Ser Asp Asp Glu Met Ala Lys	
	405 410 415	
65	cta cac gtg cgc tat atg gtc ggc gga cgt cca tgc cat ccg ttg cag	1296
	Leu His Val Arg Tyr Met Val Gly Gly Arg Pro Ser His Pro Leu Gln	
	420 425 430	
70	gaa cgc ctc tac agc ttc gaa ttc ccg gaa tca ccg ggc gcg ctg ctg	1344
	Glu Arg Leu Tyr Ser Phe Glu Phe Pro Glu Ser Pro Gly Ala Leu Leu	
	435 440 445	
75	cgc ttc ctc aac acg ctg ggt acg tac tgg aac att tct ttg ttc cac	1392
	Arg Phe Leu Asn Thr Leu Gly Thr Tyr Trp Asn Ile Ser Leu Phe His	
	450 455 460	

	tat cgc agc cat ggc acc gac tac ggg cgc gta ctg gcg gcg ttc gaa	1440
	Tyr Arg Ser His Gly Thr Asp Tyr Gly Arg Val Leu Ala Ala Phe Glu	
	465 470 475 480	
5	ctt ggc gac cat gaa ccg gat ttc gaa acc cgg ctg aat gag ctg ggc	1488
	Leu Gly Asp His Glu Pro Asp Phe Glu Thr Arg Leu Asn Glu Leu Gly	
	485 490 495	
10	tac gat tgc cac gac gaa acc aat aac ccg gcg ttc agg ttc ttt ttg	1536
	Tyr Asp Cys His Asp Glu Thr Asn Asn Pro Ala Phe Arg Phe Phe Leu	
	500 505 510	
15	gcg ggt tag	1545
	Ala Gly	
	<210> 6	
	<211> 514	
	<212> PRT	
20	<213> Escherichia coli	
	<400> 6	
25	Met Ala Asp Ser Gln Pro Leu Ser Gly Ala Pro Glu Gly Ala Glu Tyr	
	1 5 10 15	
	Leu Arg Ala Val Leu Arg Ala Pro Val Tyr Glu Ala Ala Gln Val Thr	
	20 25 30	
30	Pro Leu Gln Lys Met Glu Lys Leu Ser Ser Arg Leu Asp Asn Val Ile	
	35 40 45	
	Leu Val Lys Arg Glu Asp Arg Gln Pro Val His Ser Phe Lys Leu Arg	
35	50 55 60	
	Gly Ala Tyr Ala Met Met Ala Gly Leu Thr Glu Glu Gln Lys Ala His	
	65 70 75 80	
40	Gly Val Ile Thr Ala Ser Ala Gly Asn His Ala Gln Gly Val Ala Phe	
	85 90 95	
	Ser Ser Ala Arg Leu Gly Val Lys Ala Leu Ile Val Met Pro Thr Ala	
	100 105 110	
45	Thr Ala Asp Ile Lys Val Asp Ala Val Arg Gly Phe Gly Gly Glu Val	
	115 120 125	
	Leu Leu His Gly Ala Asn Phe Asp Glu Ala Lys Ala Lys Ala Ile Glu	
50	130 135 140	
	Leu Ser Gln Gln Gln Gly Phe Thr Trp Val Pro Pro Phe Asp His Pro	
	145 150 155 160	
55	Met Val Ile Ala Gly Gln Gly Thr Leu Ala Leu Glu Leu Leu Gln Gln	
	165 170 175	
	Asp Ala His Leu Asp Arg Val Phe Val Pro Val Gly Gly Gly Gly Leu	
	180 185 190	
60	Ala Ala Gly Val Ala Val Leu Ile Lys Gln Leu Met Pro Gln Ile Lys	
	195 200 205	
65	Val Ile Ala Val Glu Ala Glu Asp Ser Ala Cys Leu Lys Ala Ala Leu	
	210 215 220	

Asp Ala Gly His Pro Val Asp Leu Pro Arg Val Gly Leu Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 5 Gly Val Ala Val Lys Arg Ile Gly Asp Glu Thr Phe Arg Leu Cys Gln
 245 250 255
 Glu Tyr Leu Asp Asp Ile Ile Thr Val Asp Ser Asp Ala Ile Cys Ala
 260 265 270
 10 Ala Met Lys Asp Leu Phe Glu Asp Val Arg Ala Val Ala Glu Pro Ser
 275 280 285
 Gly Ala Leu Ala Leu Ala Gly Met Lys Lys Tyr Ile Ala Leu His Asn
 290 295 300
 15 Ile Arg Gly Glu Arg Leu Ala His Ile Leu Ser Gly Ala Asn Val Asn
 305 310 315 320
 Phe His Gly Leu Arg Tyr Val Ser Glu Arg Cys Glu Leu Gly Glu Gln
 325 330 335
 20 Arg Glu Ala Leu Leu Ala Val Thr Ile Pro Glu Glu Lys Gly Ser Phe
 340 345 350
 25 Leu Lys Phe Cys Gln Leu Leu Gly Gly Arg Ser Val Thr Glu Phe Asn
 355 360 365
 Tyr Arg Phe Ala Asp Ala Lys Asn Ala Cys Ile Phe Val Gly Val Arg
 370 375 380
 30 Leu Ser Arg Gly Leu Glu Glu Arg Lys Glu Ile Leu Gln Met Leu Asn
 385 390 395 400
 Asp Gly Gly Tyr Ser Val Val Asp Leu Ser Asp Asp Glu Met Ala Lys
 405 410 415
 35 Leu His Val Arg Tyr Met Val Gly Gly Arg Pro Ser His Pro Leu Gln
 420 425 430
 40 Glu Arg Leu Tyr Ser Phe Glu Phe Pro Glu Ser Pro Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Arg Phe Leu Asn Thr Leu Gly Thr Tyr Trp Asn Ile Ser Leu Phe His
 450 455 460
 45 Tyr Arg Ser His Gly Thr Asp Tyr Gly Arg Val Leu Ala Ala Phe Glu
 465 470 475 480
 50 Leu Gly Asp His Glu Pro Asp Phe Glu Thr Arg Leu Asn Glu Leu Gly
 485 490 495
 Tyr Asp Cys His Asp Glu Thr Asn Asn Pro Ala Phe Arg Phe Phe Leu
 500 505 510
 55 Ala Gly

<210> 7

<211> 1545

<212> DNA

<213> Escherichia coli

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1542)
 <223> ilvA-Allel

5

<220>
 <221> mutation
 <222> (856)..(856)
 <223>

10

<400> 7

15	atg gct gac tcg caa ccc ctg tcc ggt gct ccg gaa ggt gcc gaa tat	48
	Met Ala Asp Ser Gln Pro Leu Ser Gly Ala Pro Glu Gly Ala Glu Tyr	
	1 5 10 15	
20	tta aga gca gtg ctg cgc gcg ccg gtt tac gag gcg gcg cag gtt acg	96
	Leu Arg Ala Val Leu Arg Ala Pro Val Tyr Glu Ala Ala Gln Val Thr	
	20 25 30	
25	ccg cta caa aaa atg gaa aaa ctg tcg tcg cgt ctt gat aac gtc att	144
	Pro Leu Gln Lys Met Glu Lys Leu Ser Ser Arg Leu Asp Asn Val Ile	
	35 40 45	
30	ctg gtg aag cgc gaa gat cgc cag cca gtg cac agc ttt aag ctg cgc	192
	Leu Val Lys Arg Glu Asp Arg Gln Pro Val His Ser Phe Lys Leu Arg	
	50 55 60	
35	ggc gca tac gcc atg atg gcg ggc ctg acg gaa gaa cag aaa gcg cac	240
	Gly Ala Tyr Ala Met Met Ala Gly Leu Thr Glu Glu Gln Lys Ala His	
	65 70 75 80	
40	ggc gtg atc act gct tct gcg ggt aac cac gcg cag ggc gtc gcg ttt	288
	Gly Val Ile Thr Ala Ser Ala Gly Asn His Ala Gln Gly Val Ala Phe	
	85 90 95	
45	tct tct gcg cgg tta ggc gtg aag gcc ctg atc gtt atg cca acc gcc	336
	Ser Ser Ala Arg Leu Gly Val Lys Ala Leu Ile Val Met Pro Thr Ala	
	100 105 110	
50	acc gcc gac atc aaa gtc gac gcg gtg cgc ggc ttc ggc ggc gaa gtg	384
	Thr Ala Asp Ile Lys Val Asp Ala Val Arg Gly Phe Gly Gly Glu Val	
	115 120 125	
55	ctg ctc cac ggc gcg aac ttt gat gaa gcg aaa gcc aaa gcg atc gaa	432
	Leu Leu His Gly Ala Asn Phe Asp Glu Ala Lys Ala Lys Ala Ile Glu	
	130 135 140	
60	ctg tca cag cag cag ggg ttc acc tgg gtg ccg ccg ttc gac cat ccg	480
	Leu Ser Gln Gln Gln Gly Phe Thr Trp Val Pro Pro Phe Asp His Pro	
	145 150 155 160	
65	atg gtg att gcc ggg caa ggc acg ctg gcg ctg gaa ctg ctc cag cag	528
	Met Val Ile Ala Gly Gln Gly Thr Leu Ala Leu Glu Leu Leu Gln Gln	
	165 170 175	
70	gac gcc cat ctc gac cgc gta ttt gtg cca gtc ggc ggc ggc ggt ctg	576
	Asp Ala His Leu Asp Arg Val Phe Val Pro Val Gly Gly Gly Gly Leu	
	180 185 190	
75	gct gct ggc gtg gcg gtg ctg atc aaa caa ctg atg ccg caa atc aaa	624
	Ala Ala Gly Val Ala Val Leu Ile Lys Gln Leu Met Pro Gln Ile Lys	
	195 200 205	

	gtg atc gcc gta gaa gcg gaa gac tcc gcc tgc ctg aaa gca gcg ctg	672
	Val Ile Ala Val Glu Ala Glu Asp Ser Ala Cys Leu Lys Ala Ala Leu	
	210 215 220	
5	gat gcg ggt cat ccg gtt gat ctg ccg cgc gta ggg cta ttt gct gaa	720
	Asp Ala Gly His Pro Val Asp Leu Pro Arg Val Gly Leu Phe Ala Glu	
	225 230 235 240	
10	ggc gta gcg gta aaa cgc atc ggt gac gaa acc ttc cgt tta tgc cag	768
	Gly Val Ala Val Lys Arg Ile Gly Asp Glu Thr Phe Arg Leu Cys Gln	
	245 250 255	
15	gag tat ctc gac gac atc atc acc gtc gat agc gat gcg atc tgt gcg	816
	Glu Tyr Leu Asp Asp Ile Ile Thr Val Asp Ser Asp Ala Ile Cys Ala	
	260 265 270	
20	gcg atg aag gat tta ttc gaa gat gtg cgc gcg gtg gcg aaa ccc tct	864
	Ala Met Lys Asp Leu Phe Glu Asp Val Arg Ala Val Ala Lys Pro Ser	
	275 280 285	
25	ggc gcg ctg gcg ctg gcg gga atg aaa aaa tat atc gcc ctg cac aac	912
	Gly Ala Leu Ala Leu Ala Gly Met Lys Lys Tyr Ile Ala Leu His Asn	
	290 295 300	
30	att cgc ggc gaa cgg ctg gcg cat att ctt tcc ggt gcc aac gtg aac	960
	Ile Arg Gly Glu Arg Leu Ala His Ile Leu Ser Gly Ala Asn Val Asn	
	305 310 315 320	
35	ttc cac ggc ctg cgc tac gtc tca gaa cgc tgc gaa ctg ggc gaa cag	1008
	Phe His Gly Leu Arg Tyr Val Ser Glu Arg Cys Glu Leu Gly Glu Gln	
	325 330 335	
40	cgt gaa gcg ttg ttg gcg gtg acc att ccg gaa gaa aaa ggc agc ttc	1056
	Arg Glu Ala Leu Leu Ala Val Thr Ile Pro Glu Glu Lys Gly Ser Phe	
	340 345 350	
45	ctc aaa ttc tgc caa ctg ctt ggc ggg cgt tgc gtc acc gag ttc aac	1104
	Leu Lys Phe Cys Gln Leu Leu Gly Gly Arg Ser Val Thr Glu Phe Asn	
	355 360 365	
50	tac cgt ttt gcc gat gcc aaa aac gcc tgc atc ttt gtc ggt gtg cgc	1152
	Tyr Arg Phe Ala Asp Ala Lys Asn Ala Cys Ile Phe Val Gly Val Arg	
	370 375 380	
55	ctg agc cgc ggc ctc gaa gag cgc aaa gaa att ttg cag atg ctc aac	1200
	Leu Ser Arg Gly Leu Glu Glu Arg Lys Glu Ile Leu Gln Met Leu Asn	
	385 390 395 400	
60	gac ggc ggc tac agc gtg gtt gat ctc tcc gac gac gaa atg gcg aag	1248
	Asp Gly Gly Tyr Ser Val Val Asp Leu Ser Asp Asp Glu Met Ala Lys	
	405 410 415	
65	cta cac gtg cgc tat atg gtc ggc gga cgt cca tgc cat ccg ttg cag	1296
	Leu His Val Arg Tyr Met Val Gly Gly Arg Pro Ser His Pro Leu Gln	
	420 425 430	
70	gaa cgc ctc tac agc ttc gaa ttc ccg gaa tca ccg ggc gcg ctg ctg	1344
	Glu Arg Leu Tyr Ser Phe Glu Phe Pro Glu Ser Pro Gly Ala Leu Leu	
	435 440 445	
75	cgc ttc ctc aac acg ctg ggt acg tac tgg aac att tct ttg ttc cac	1392
	Arg Phe Leu Asn Thr Leu Gly Thr Tyr Trp Asn Ile Ser Leu Phe His	
	450 455 460	

	tat cgc agc cat ggc acc gac tac ggg cgc gta ctg gcg gcg ttc gaa	1440
	Tyr Arg Ser His Gly Thr Asp Tyr Gly Arg Val Leu Ala Ala Phe Glu	
	465 470 475 480	
5	ctt ggc gac cat gaa ccg gat ttc gaa acc cgg ctg aat gag ctg ggc	1488
	Leu Gly Asp His Glu Pro Asp Phe Glu Thr Arg Leu Asn Glu Leu Gly	
	485 490 495	
10	tac gat tgc cac gac gaa acc aat aac ccg gcg ttc agg ttc ttt ttg	1536
	Tyr Asp Cys His Asp Glu Thr Asn Asn Pro Ala Phe Arg Phe Phe Leu	
	500 505 510	
15	gcg ggt tag	1545
	Ala Gly	
20	<210> 8	
	<211> 514	
	<212> PRT	
	<213> Escherichia coli	
25	<400> 8	
	Met Ala Asp Ser Gln Pro Leu Ser Gly Ala Pro Glu Gly Ala Glu Tyr	
	1 5 10 15	
30	Leu Arg Ala Val Leu Arg Ala Pro Val Tyr Glu Ala Ala Gln Val Thr	
	20 25 30	
35	Pro Leu Gln Lys Met Glu Lys Leu Ser Ser Arg Leu Asp Asn Val Ile	
	35 40 45	
40	Leu Val Lys Arg Glu Asp Arg Gln Pro Val His Ser Phe Lys Leu Arg	
	50 55 60	
45	Gly Ala Tyr Ala Met Met Ala Gly Leu Thr Glu Glu Gln Lys Ala His	
	65 70 75 80	
50	Gly Val Ile Thr Ala Ser Ala Gly Asn His Ala Gln Gly Val Ala Phe	
	85 90 95	
55	Ser Ser Ala Arg Leu Gly Val Lys Ala Leu Ile Val Met Pro Thr Ala	
	100 105 110	
60	Thr Ala Asp Ile Lys Val Asp Ala Val Arg Gly Phe Gly Gly Glu Val	
	115 120 125	
65	Leu Leu His Gly Ala Asn Phe Asp Glu Ala Lys Ala Lys Ala Ile Glu	
	130 135 140	
70	Leu Ser Gln Gln Gln Gly Phe Thr Trp Val Pro Pro Phe Asp His Pro	
	145 150 155 160	
75	Met Val Ile Ala Gly Gln Gly Thr Leu Ala Leu Glu Leu Leu Gln Gln	
	165 170 175	
80	Asp Ala His Leu Asp Arg Val Phe Val Pro Val Gly Gly Gly Gly Leu	
	180 185 190	
85	Ala Ala Gly Val Ala Val Leu Ile Lys Gln Leu Met Pro Gln Ile Lys	
	195 200 205	
90	Val Ile Ala Val Glu Ala Glu Asp Ser Ala Cys Leu Lys Ala Ala Leu	
	210 215 220	

Asp Ala Gly His Pro Val Asp Leu Pro Arg Val Gly Leu Phe Ala Glu
 225 230 235 240
 5 Gly Val Ala Val Lys Arg Ile Gly Asp Glu Thr Phe Arg Leu Cys Gln
 245 250 255
 Glu Tyr Leu Asp Asp Ile Ile Thr Val Asp Ser Asp Ala Ile Cys Ala
 260 265 270
 10 Ala Met Lys Asp Leu Phe Glu Asp Val Arg Ala Val Ala Lys Pro Ser
 275 280 285
 15 Gly Ala Leu Ala Leu Ala Gly Met Lys Lys Tyr Ile Ala Leu His Asn
 290 295 300
 Ile Arg Gly Glu Arg Leu Ala His Ile Leu Ser Gly Ala Asn Val Asn
 305 310 315 320
 20 Phe His Gly Leu Arg Tyr Val Ser Glu Arg Cys Glu Leu Gly Glu Gln
 325 330 335
 Arg Glu Ala Leu Leu Ala Val Thr Ile Pro Glu Glu Lys Gly Ser Phe
 340 345 350
 25 Leu Lys Phe Cys Gln Leu Leu Gly Gly Arg Ser Val Thr Glu Phe Asn
 355 360 365
 30 Tyr Arg Phe Ala Asp Ala Lys Asn Ala Cys Ile Phe Val Gly Val Arg
 370 375 380
 Leu Ser Arg Gly Leu Glu Glu Arg Lys Glu Ile Leu Gln Met Leu Asn
 385 390 395 400
 35 Asp Gly Gly Tyr Ser Val Val Asp Leu Ser Asp Asp Glu Met Ala Lys
 405 410 415
 Leu His Val Arg Tyr Met Val Gly Gly Arg Pro Ser His Pro Leu Gln
 420 425 430
 40 Glu Arg Leu Tyr Ser Phe Glu Phe Pro Glu Ser Pro Gly Ala Leu Leu
 435 440 445
 Arg Phe Leu Asn Thr Leu Gly Thr Tyr Trp Asn Ile Ser Leu Phe His
 450 455 460
 45 Tyr Arg Ser His Gly Thr Asp Tyr Gly Arg Val Leu Ala Ala Phe Glu
 465 470 475 480
 50 Leu Gly Asp His Glu Pro Asp Phe Glu Thr Arg Leu Asn Glu Leu Gly
 485 490 495
 Tyr Asp Cys His Asp Glu Thr Asn Asn Pro Ala Phe Arg Phe Phe Leu
 500 505 510
 55 Ala Gly
 60 <210> 9
 <211> 1548
 <212> DNA
 <213> Escherichia coli

<220>
 <221> DNA
 <222> (1)..(1548)
 <223>

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (527)..(952)
 <223> yjgF-Orf

10

<400> 9
 tcgcatctg gtactgtaag gggaaataga gatgacacac gataataaat tgcaggttga 60
 agctattaaa cgcggcacgg taattgacca tatccccgcc cagatcgggtt ttaagctggt 120
 gagtctgttc aagctgaccg aaacggatca gcgcacacacc attggtctga acctgccttc 180
 tggcgagatg ggccgcaaag atctgatcaa aatcgaaaat acctttttga gtgaagatca 240
 agtagatcaa ctggcattgt atgcgccgca agccacgggtt aaccgtatcg acaactatga 300
 agtgggtgggt aaatcgcgcc caagtctgcc ggagcgcacg gacaatgtgc tggctctgcc 360
 gaacagcaac tgtatcagcc atgccgaacc ggtttcatcc agctttgccg tgcgaaaacg 420
 cgccaatgat atcgcgctca aatgcaaata ctgtgaaaaa gagttttccc ataatgtgggt 480
 gctggccaat taattgcgggt tggtaataaaa agtctggctc cctata atg agc cag 535
 Met Ser Gln
 1
 act ttt tac cgc tgt aat aaa gga gaa atc atg agc aaa act atc gcg 583
 Thr Phe Tyr Arg Cys Asn Lys Gly Glu Ile Met Ser Lys Thr Ile Ala
 5 10 15
 acg gaa aat gca ccg gca gct atc ggt cct tac gta cag ggc gtt gat 631
 Thr Glu Asn Ala Pro Ala Ala Ile Gly Pro Tyr Val Gln Gly Val Asp
 20 25 30 35
 ctg ggc aat atg atc atc acc tcc ggt cag atc ccg gta aat ccg aaa 679
 Leu Gly Asn Met Ile Ile Thr Ser Gly Gln Ile Pro Val Asn Pro Lys
 40 45 50
 acg ggc gaa gta ccg gca gac gtc gct gca cag gca cgt cag tgc ctg 727
 Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Val Ala Ala Gln Ala Arg Gln Ser Leu
 55 60 65
 gat aac gta aaa gcg atc gtc gaa gcc gct ggc ctg aaa gtg ggc gac 775
 Asp Asn Val Lys Ala Ile Val Glu Ala Ala Gly Leu Lys Val Gly Asp
 70 75 80
 atc gtt aaa act acc gtg ttt gta aaa gat ctg aac gac ttc gca acc 823
 Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val Lys Asp Leu Asn Asp Phe Ala Thr
 85 90 95
 gta aac gcc act tac gaa gcc ttc ttc acc gaa cac aac gcc acc ttc 871
 Val Asn Ala Thr Tyr Glu Ala Phe Phe Thr Glu His Asn Ala Thr Phe
 100 105 110 115
 ccg gca cgt tct tgc gtt gaa gtt gcc cgt ctg ccg aaa gac gtg aag 919
 Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu Val Ala Arg Leu Pro Lys Asp Val Lys
 120 125 130

65

att gag atc gaa gcg atc gct gtt cgt cgc taa tcttgatgga aatccgggct 972
 Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala Val Arg Arg
 135 140

5 atcatgcccc gattaagtct gatgacaaac gcaaaatcgc ctgatgcgct acgcttatca 1032
 ggcctacgtg attcctgcaa tttattgaat ttgttggccg gataaggcat ttacgccgca 1092
 10 tccggcatga acaaaactca ctttgtctac aatctgaatc ggggctatcg tgcccagttt 1152
 attctttatt gccagccgta acgacggcta tagaaccctt tcaccaactg ggtaaatgtc 1212
 atataccctg ccagaatcgc aaccagccac gggaaatagc ttaacggcag cgcctgtaat 1272
 15 tgcagataac tggccagcgg tgaaaacggc aatgcgatcc cgacaatcat cacgatcacg 1332
 gtcatgatca ttaacggcca cgatgcacag ctctgaataa acggcacacg gcgggtgcgg 1392
 20 atcatatgca caatcagcgt ttgcgacagt aagcccacca caaacatcc cgactggaac 1452
 agcggtttgcg tttccggcgt gttggcatgg aatacccacc acatcaggca aaacgtcaaa 1512
 atatcgaaga tcgagctgat cgggtccgaag aagatc 1548

25

<210> 10
 <211> 141
 <212> PRT
 <213> Escherichia coli

30

<400> 10
 Met Ser Gln Thr Phe Tyr Arg Cys Asn Lys Gly Glu Ile Met Ser Lys
 1 5 10 15

35

Thr Ile Ala Thr Glu Asn Ala Pro Ala Ala Ile Gly Pro Tyr Val Gln
 20 25 30

40

Gly Val Asp Leu Gly Asn Met Ile Ile Thr Ser Gly Gln Ile Pro Val
 35 40 45

Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Val Ala Ala Gln Ala Arg
 50 55 60

45

Gln Ser Leu Asp Asn Val Lys Ala Ile Val Glu Ala Ala Gly Leu Lys
 65 70 75 80

Val Gly Asp Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val Lys Asp Leu Asn Asp
 85 90 95

50

Phe Ala Thr Val Asn Ala Thr Tyr Glu Ala Phe Phe Thr Glu His Asn
 100 105 110

55

Ala Thr Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu Val Ala Arg Leu Pro Lys
 115 120 125

Asp Val Lys Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala Val Arg Arg
 130 135 140

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

☐ BLACK BORDERS

☒ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES

☒ ~~FADED~~ TEXT OR DRAWING

☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING

☐ SKEWED/SLANTED IMAGES

☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS

☐ GRAY-SCALE DOCUMENTS

☒ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT

☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY

☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.